# WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17,

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46375

**A2** (43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00722

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

(30) Prioritätsdaten:

198 11 194.0

10. März 1998 (10.03.98)

Veröffentlicht DE

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder: und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II. D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE),

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences - mRNA, cDNA, genomic sequences - of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäurequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

## LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

	A 10	770				~	
AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenica	PI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Osterreich	FR	Frankreich	w	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swaziland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Techad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG -	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Paso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobego
BJ	Benin	1B	Irland	MIN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilico	ΙL	Israel ·	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island .	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien .	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Victnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawica
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neusceland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		,
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	ΚZ	Kasachstan	RO	Rumanien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	u	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EB	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

#### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

  Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

15

- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten

  -- Expressionsraten Ursache-oder-Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer

  Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. 30 ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen-werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der 35 Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und 40 -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1). Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses 45 würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
    - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

30 oder

10

15

25

40

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

25

30

40

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, \$\phi X174\$, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

5

10

15

20

25

35

40

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft femer Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

30 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der
Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 9093, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als
Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

10

20

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.
- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
  - Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

# Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

•	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vollegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden
10	1	können (Consensus).
	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen
15	w.	vorkommt
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
20	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

# Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	-maximum percent mismatch=	-maximale-Abweichung in %

# Erklärung der Abbildungen

30

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

#### Beispiel 1

5

20

25 .

35

40

45

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensusse-quenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch emeut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

#### Beispiel 2

5

# Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J.,
 Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

5

10

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

#### Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	·					
		NORMAL		TUMOR	Verhaelt	
	* *Hae	ufigkei	t	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Rlase	0.0000		0.0026	0.0000	undef
		0.0040		0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock			0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe			0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal				undef	0.0000
20		0.0017		0.0088	0.1935	5.1673
	Haematopoetisch			0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.000		0.0000	undef	undef
-	Hepatisch	0.0000		0.0065	0.0000	undef
		0.0021		0.0000	undef	0.0000
25		0.0000		0.0000	undef	undef
		0.0050		0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre			0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett			0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0068	0.4342	2.3033
30	Pankreas	0.0019		0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017		0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0145		•		
35	Duenndarm_	0.0000_				
	Prostata-Hyperplasie	0.0149				
	Samenblase	0.0000			•	
	Sinnesorgane					•
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				*
40						
		FOETUS	_1 2.			
		%Haeufi	gkeit			
	Entwicklung	0.0000				
45	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn					
	Haematopoetisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0041				
	Lunge	0.0111				
50	Niere	0.0124			•	
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
		MODMICE	me /erre	TRAHIERTE BI	11 TOPUEVE	,
55		*Haeufi		STANDIERIE BI	PIOIUPVE	•
35	Brust	0.0000	gxerc			
	Eierstock-Uterus				•	
	Endokrines Gewebe					
	Foetal	0.0082				
60		0.0244				
00	Haematopoetisch	0.0244				
	Haut-Muskel					
		0.0000		•		
		0.0000				•
65	Nerven					
0,5	Prostata					
	PIDICALA					

Sinnesorgane 0.0000

**2.1.2**Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAI	,	TUMOR		Verhaeltnisse
10	%Haeuf	igkeit	<b>Haeufigkeit</b>	N/T	T/N
•	Blase	0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef.
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett	-0.0034	 0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
•	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
30	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000	•		
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
•	Samenblase	0.0000		- •	
35	Sinnesorgane				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017	 		
			 :·		•

40		FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
45	Haematopoetisch	0.0039
•	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

55

Brust 0.0272
Eierstock-Uterus 0.0000
Endokrines\_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0012
60 Gastrointestinal 0.0000
Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0065
Hoden 0.0000
Lunge 0.0082
Nerven 0.0020
Prostata 0.0192
Sinnesorgane 0.0000

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe verkemmt

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

	Plekriouracuer Moicueru-P	TOC THE SEQ. I	D. NO: 24		
10	•				
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
•	•			•	
		0.0000	0.0153	0.0000	undef
15		0.0120	0.0131	0.9174	1.0901
	Eierstock		0.0208	0.4382	2.2819
	Endokrines_Gewebe			0.7655	1.3064
	Gastrointestinal		0.0143	1.6285	0.6141
20		0.0034	0.0077	0.4423	2.2607
20	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
			0.0847	0.1762	5.6754
	Hepatisch		0.0518	0.0000	undef
		0.0095	0.0275	0.3468	2.8832
25		0.0061	0.0234	0.2612.	3.8288.
23	-	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0153 0.0180	0.6300	1.5874
		0.0059	0.0000	0.2855	3.5025
	Pankreas		0.0221	undef 0.1714	0.0000 5.8337
30		0.0000	0.0267	0.0000	undef
50	Prostata		0.0043	5.0338	0.1987
	•	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie			***************************************	1.1011
	Duenndarm		•	•	
35	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase		•		
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		,	
	-				
40					
		FOETUS		*	
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0 0307			
45	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse				
		0.0000			
50		0.0062		,	
	Prostata	0.0000	•		
	Sinnesorgane	0.0140			
		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	Liotheken	
55		%Haeufig <b>ke</b> it			•
	D	0.0126			
		0.0136			
	Eierstock-Uterus			••	
60	Endokrines_Gewebe Foetal				
50	Gastrointestinal		•		
	Haematopoetisch			•	
	Haut-Muskel		•		
		0.0000			
65		0.0000			
	Nerven				
	HETAEN				

Prostata 0.0000

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines Gens von thaliana von Caenorhabdites elegans.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

```
10.
                                 NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                           Blase 0.0000
                                                             0.0000
                                               0.0051
                                                                           undef
15
                           Brust 0.0040
                                               0.0022
                                                             1.8347
                                                                           0.5450
                       Eierstock 0.0152
                                               0.0026
                                                             5.8431
                                                                          0.1711
                                                             0.0000
              Endokrines Gewebe 0.0000
                                               0.0054
                                                                          undef
               Gastrointestinal 0.0019
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          0.0000
                          Gehirn 0.0025
                                               0.0044
                                                             0.5806
                                                                          1.7224
20
                Haematopoetisch 0.0056
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          0.0000
                           Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          undef
                       Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          undef
                           Herz 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          undef
                           Hoden 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          undef
25
                          Lunge 0.0025
                                                             1.0534
                                               0.0024
                                                                          0.9493
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                             undef
                                               0.0000
                                                                          undef
                 Muskel-Skelett 0.0034
                                               0.0000
                                                            undef
                                                                          0.0000
                          Niere 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                          undef
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef
                                                                          undef
30
                          Penis 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef
                                                                          undef
                        Prostata 0.0095
                                               0.0021
                                                             4.4745
                                                                          0.2235
                         Uterus 0.0017
                                               0.0000
                                                            undef
                                                                          0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
                      Duenndarm 0.0031
35
           Prostata-Hyperplasie 0.0030
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0009
40
                                 FOETUS
                                 Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0092
45
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
                          Niere 0.0000
50
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
55
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
               Eierstock-Uterus 0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0245
60
                         Foetal 0.0006
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0057
                    Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0000
65
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0030
```

Prostata 0.0192 Sinnesorgane 0.0000

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		-			
10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltni	.sse
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blaco	0.0000	0.0000	undef	undef
	•	0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
15	Eierstock		0.0026	0.0000	undef
13	Endokrines Gewebe		0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal		0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn		0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
20		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
		0.0032	0.0000	undef	0.0000
	·· · ·-Hoden		0.0000	- undef	0-0000
		0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
23	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000	undef
		0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas		0.0000	undef	undef
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata		0.0021	5.5932	0.1788
50		0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.000	under	0.000
	Duenndarm				4
	Prostata-Hyperplasie				
35	Samenblase				
33	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
	#e135e_Bluckoetpetchen	0.0055			
			•		
40		FOETUS			
		%Haeuf:	igkeit		
	Entwicklung	0.0000		•	
	Gastrointenstinal				
45		0.0000			
•••	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse				
		0.0037			
		0.0062			
50	Prostata				
0	Sinnesorgane			,	
	J1.2.00014				
			/		
			RTE/SUBTRAHIERTE	DIRLIGIHEREN	
55		%Haeuf	ıgkeıt		
	Domant	0 0000			
		0.0000			
	Eierstock-Uterus				
60	Endokrines_Gewebe				
60		0.0035			
	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				
		0.0078			•
65		0.0000			
		0.0050			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			

Analog der unter-2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	se <sup>'</sup>
	•		%Haeufigkeit		T/N
		0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
		0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock		0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe		0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
•		0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
20	Haematopoetisch	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef	0.0000 undef
20	Hepatisch		0.0000	undef	0.0000
	_	0.0053	0.0000	undef	0.0000
		0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett		0.0180	0.8565	1.1675
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas		0.0166	0.3428	2.9168
20		0.0030	0.0000		0.0000
30	Prostata		0.0064	5.2203	0.1916
	•	0.0132	0.0000	undef	0.0000
•	Brust-Hyperplasie Duenndarm		•	•	
	Prostata-Hyperplasie				
35	Samenblase				
-	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
40		FOETUS %Haeufigkeit	•		,
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal				
45	Gehirn			•	•
	Haematopoetisch		•		
	Herz-Blutgefaesse				
		0.0148		• .	
60		0.0062			•
50	Prostata Sinnesorgane				
	Simesoryane	0.0000		•	
			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN	
55	•	*Haeufigkeit		••	
		0.0272			
	Eierstock-Uterus		•		
60	Endokrines_Gewebe				
60	Foetal				_
	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				•
<i>(</i>	Haut-Muskel		•		
65		0.0000		•	
	_	0.0000 0.0010			
	, werven	0.0010			

Prostata 0.0064 Sinnesorgane 0.0000 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden: Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
		0.0418	0.0383	1.0911 0.9165
	Brust	0.0267	0.0218	1.2232 0.8176
	Eierstock		0.0052	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe		0.0109	0.5023 1.9907
10	Gastrointestinal		0.0048	2.8499 0.3509
		0.0093	0.0142	0.6550 1.5267
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	_	0.0099	0.0847	0.1175 8.5131
	Hepatisch		0.0129	0.0000 undef
15		0.0180	0.0000	undef 0.0000
		0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
		0.0137	0.0071	1.9313 0.5178
•	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.8399 1.1905
	Muskel-Skelett		0.0060	1.7130 0.5838
20		0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0110	0.6857 1.4584
		0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	6.7118 0.1490
	Uterus		0.0356	1.2997 0.7694
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.01/4		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
33	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch		=	
	Herz-Blutgefaesse		•	
40		0.0370		
-10		0.0124		
•	Prostata			•
	Sinnesorgane			•
45				
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.1156	•	•
	Eierstock-Uterus	0.0525		
50	Endokrines Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0366		
•	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
55		0.0000		•
		0.0082		
	Nerven			. ,
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
			•	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 3

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187 0.2488
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0077	0.8847 1.1303
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
•	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
		0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
•		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.2373 0.4470 undef 0.0000
	Uterus		0.0000	under 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			•
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
	Sinnesorgane			
, ,	Weisse_Blutkoerperchen			
30	#61336_DIRENOCIPCIONCH	0.002		
30				
		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
•	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	•	•		•
45	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
•••		%Haeufigkeit		•
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines Gewebe			
50 -	Foetal	0.0035	•	
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000	•	
	Haut-Muskel			
		0.0156		
55		0.0000	·	
		0.0030		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		

Endokrines_ Gastrointe 10 Haematopo Hep	Blase 0.0093 Brust 0.0053 rstock 0.0030 Gewebe 0.0055 stinal 0.0019 Gehirn 0.0008 etisch 0.0000 Haut 0.0050 atisch 0.0000 Herz 0.0053	0.0000 0.0000 0.0065 0.0000	1.8185 0.5499 2.4463 0.4088 1.1686 0.8557 undef 0.0000 undef 0.0000 0.1548 6.4591 undef undef undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000
	Hoden 0.0000 Lunge 0.0050 roehre 0.0000 kelett 0.0051	0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	undef undef undef 0.0000 undef undef undef 0.0000
20 Pa	Niere 0.0089 nkreas 0.0038 Penis 0.0000 ostata 0.0048	0.0000 0.0055 0.0000 0.0021	undef 0.0000 0.6857 1.4584 undef undef 2.2373 0.4470 undef 0.0000
Brust-Hyper 25 Due Prostata-Hyper Same	nblase 0.0000	0.0000	under v.ooov
Sinnes Weisse_Blutkoerp			
35 Gastrointen Haematopo	FOETUS %Haeufigkei cklung 0.0000 stinal 0.0000 Gehirn 0.0000 eetisch 0.0000 faesse 0.0000 Lunge 0.0000	t	
	Niere 0.0062 costata 0.0000 corgane 0.0279	*	
45	%Haeufigkei	SUBTRAHIERTE BII t	BLIOTHEKEN
50 Endokrines_ Gastrointe	Brust 0.0000 Uterus 0.0137 Gewebe 0.0000 Foetal 0.0134 estinal 0.0000 eetisch 0.0000	. '	
55 P1	Muskel 0.0518 Hoden 0.0000 Lunge 0.0000 Nerven 0.0060 costata 0.0128 sorgane 0.0000		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 6

	•			
	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	. •	<b>%Haeufigkeit</b>	<b>%</b> Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
10	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	•	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0129	0.3826 2:6139
		0.0074	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
1.5		0.0100	0.0024	4.2137 0.2373
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas		0.0055	3.0855 0.3241
20		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus		0.0142	0.1160 8.6176
			0.0142	0,1100 0.01.0
25	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
•	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096		
30				
		FOETUS		
	•	%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung			
25	Gastrointenstinal			
35				•
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0037		
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SIII	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
43		%Haeufigkeit	J.144122.112	
	Bruch	0.0204		
	Eierstock-Uterus			•
	Endokrines Gewebe			•
50				
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		•	
		0.0234		
55	-	0.0000	,	
		0.0070		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane	0.0000		
	*			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufickeit	%Haeufigkeit	
•	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
		0.0107	0.0131	0.8154 1.2263
	Eierstock		0.0078	0.3895 2.5671
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0143	0.6786 1.4737
10	Gehirn			1.9353 0.5167
	Haematopoetisch		0.0378	0.2587 3.8650
		0.0298	0.0000	undef 0.0000
•	Hepatisch		0.0194	0.0000 undef
15	•	0.0159	0.0137	1.1561 0.8650
13		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0112	0.0142	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
20		0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
20	Pankreas		0.0387	0.0980 10.2089
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie		0.000	
23	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen		•	
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal		•	
	Gehirn	0.0188		T. Company
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse		•	•
40	Lunge	0.0148		1
		0.0185	•	
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45				T TORUCKEN
	·		STRAHIERTE BIE	PIOLHEKEN
		Haeufigkeit		•
		0.0068		
60	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		•
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
56	Haut-Muskel			
55		0.0078	•	
		0.0492	•	
		0.0161		
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.00//		
60				

		NODMAT	TUMOR	Verhaeltnisse
		NORMAL	%Haeufigkeit	
5	Rlase	0.0000	0.0000	undef undef
-		0.0120	0.0109	1.1008 0.9084
	Eierstock		0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0136	1.0716 0.9331
	Gastrointestinal		0.0143	1.0857 0.9211
10		0.0136	0.0142	0.9527 1.0496
_	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz	0.0170	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0112	0.0095	1.1851 0.8438
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
		0.0119	0.0068	1.7366 0.5758
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	•	0.0064	2.2373 0.4470
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30	<u>-</u>	,		
				,
		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		
20	Entwicklung		•	
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse			
,	_	0.0037		
40	_ =	0.0185		•
70	Prostata			
	Sinnesorgane			
	<b>.</b>			
	•			
45	• •	NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
		0.0068		
	Eierstock-Uterus			
50	-Endokrines_Gewebe			•
<b>J</b> U	Foetal Gastrointestinal		•	
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0156		
55		0.0082		
	Nerven		,	•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0155		

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 9

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                9.0924 0.1100
 5
                            Blase 0.0232
                                                  0.0026
                                                                2.1405 0.4672
                            Brust 0.0187
                                                  0.0087
                        Eierstock 0.0122
                                                                0.7791 1.2836
                                                  0.0156
               Endokrines Gewebe 0.0219
                                                                1.6075 0.6221
                                                  0.0136
                Gastrointestinal 0.0116
                                                  0.0190
                                                                0.6107 1.6375
                                                                0.8337 1.1995
10
                           Gehirn 0.0119
                                                  0.0142
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
1.1561 0.8650
                 Haematopoetisch 0.0126
                                                  0.0000
                            Haut 0.0199
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0099
Herz 0.0159
                                                  0.0000
                                                  0.0137
15
                            Hoden 0.0122
                                                  0.0351
                                                                0.3482 2.8716
              Lunge 0.0187
Magen-Speiseroehre 0.0097
                                                  0.0378
                                                                0.4938 2.0251
                                                                0.3150 3.1748
                                                  0.0307
                  Muskel-Skelett 0.0103
                                                  0.0120
                                                                0.8565 1.1675
                         Niere 0.0238
Pankreas 0.0076
                                                                undef 0.0000
1.3713 0.7292
                                                  0.0000
20
                                                  0.0055
                            Penis 0.0180
                                                  0.0267
                                                                0.6739 1.4840
                         Prostata 0.0214
Uterus 0.0132
                                                  0.0085
                                                                2.5169 0.3973
                                                  0.0285
                                                                0.4642 2.1544
               Brust-Hyperplasie 0.0291
                        Duenndarm 0.0156
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0268
                      Samenblase 0.0356
                    Sinnesorgane 0.0235
         Weisse Blutkoerperchen 0.0131
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0307
35
               Gastrointenstinal 0.0247
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0236
               Herz-Blutgefaesse 0.0286
                            Lunge 0.0111
                            Niere 0.0371
                         Prostata 0.0997
                    Sinnesorgane 0.0279
45
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  -%Haeufigkeit-
                            Brust 0.0068
                Eierstock-Uterus 0.0023
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0064
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0057
                     Haut-Muskel 0.0065
                            Hoden 0.0312
                           Lunge 0.0082
55
                           Nerven 0.0050
                         Prostata 0.0064
                    Sinnesorgane 0.0000
60
```

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 12

•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T T/N
5 Blase	0.0000	0.0000	undef undef
Brust	0.0027	0.0044	0.6116 1.6351
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef 0.0000
10 Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964 0.3230
Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	0.0050	0.0000	undef 0.0000
Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
15 Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	0.0112	0.0000	undef 0.0000
Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
Muskel-Skelett		0.0060	0.5710 1.7513
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
20 Pankreas	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	0.0000	0.0000	undef undef
Prostata		0.0021	2.2373 0.4470
Uterus		0.0000	undef 0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036		
25 Duenndarm			
Prostata-Hyperplasie	0.0089		•
Samenblase	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		•
30			
		_	,
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
Entwicklung			
35 Gastrointenstinal			
Gehirn			
Haematopoetisch	0.0000		
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	0.0074		
• •	0.0000		
Prostata			
Sinnesorgane	0.0140		
45	NORMIERTE/SUI	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit		
Brust	0.0000		
Eierstock-Uterus			
Endokrines Gewebe	. 0 . 00 3 0		
ou Foetal	0.0000		
	0.0000 0.0047		
Gastrointestinal	0.0000 0.0047 0.0000		
Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057		
Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057		
Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057 0.0130	-	
Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057 0.0130 0.0156		· · · ·
Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057 0.0130 0.0156 0.0000 0.0030		
Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven	0.0000 0.0047 0.0000 0.0057 0.0130 0.0156 0.0000 0.0030 0.0064		· ·

```
NORMAL
                                                     TUMOR
                                                                     Verhaeltnisse
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                     0.0000 undef
                              Blase 0.0000
                                                     0.0128
                                                                    undef 0.0000
undef undef
undef 0.0000
                              Brust 0.0120
                                                     0.0000
                                                     0.0000
                         Eierstock 0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0036
Gastrointestinal 0.0039
                                                     0.0000
                                                                     undef 0.0000
                                                     0.0000
                                                     0.0066
                                                                     0.2580 3.8754
                            Gehirn 0.0017
10
                                                                     undef undef
undef 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0050
                                                     0.0000
                                                     0.0000
                        Hepatisch 0.0000
Herz 0.0074
                                                     0.0129
                                                                     0.0000 undef
                                                                    undef 0.0000
                                                     0.0000
                              Hoden 0.0000
                                                     0.0117
                                                                     0.0000 undef
15
                                                     0.0071
                                                                     1.2290 0.8137
                             Lunge 0.0087
                                                     0.0000
                                                                    undef undef
1.4275 0.7005
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0086
                                                     0.0060
                          Niere 0.0000
Pankreas 0.0038
                                                     0.0137
                                                                     0.0000 undef
                                                                    undef 0.0000
undef 0.0000
20
                                                     0.0000
                           Penis 0.0150
                                                     0.0000
                          Prostata 0.0048
Uterus 0.0066
                                                                     2.2373 0.4470
                                                     0.0021
                                                                     0.9283 1.0772
                                                     0.0071
                Brust-Hyperplasie 0.0218
            Duenndarm 0.0062
Prostata-Hyperplasie 0.0030
25
                        Samenblase 0.0089
                      Sinnesorgane 0.0353
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
                Gastrointenstinal 0.0000
35
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0041
                              Lunge 0.0000
Niere 0.0000
40
                          Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
45
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                     '%Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                 Eierstock-Uterus 0.0023
                Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0017
50
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0000
Hoden 0.0000
                              Lunge 0.0000
55
                             Nerven 0.0060
                           Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
60
```

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 14

	. *	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
_			%Haeufigkeit		T/N
5	Rlase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
		0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock		0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	_	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
		0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
	-	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
		0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
30	Sinnesorgane				
JV	Weisse_Blutkoerperchen	0.0032			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit	•		
35					
	Entwicklung				
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch			·	
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0000		,	
		0.0000			
	Prostata				
45	Sinnesorgane	0.0000			
7,7					
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit			
		,			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal				
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch		•		
	Haut-Muskel				
		0.0078	•		
		0.0000			
		0.0020			•
60	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000		`	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	TUMOR	Verhaeltnisse	•
		igkeit	<b>%</b> Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
		0.0046	0.0000	undef	0.0000
		0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock		0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef	undef 2.4562
10	Gastrointestinal			.0.4071 0.3871	2.5836
	Gehirn		0.0219 0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch		0.0259	0.0000	undef
15		0.0032	0.0000	undef	0.0000
1.5		0.0122	0.0000	undef	0.0000
		0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus	1:1717	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase Sinnesorgane				
30	Weisse Blutkoerperchen		•		
30	weisse_bluckoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35			٠.		
	Entwicklung				i
	Gastrointenstinal				
	Gehirn			•	
40	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0037			
		0.0124			
	Prostata				
,	Sinnesorgane				
45	<b></b>				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN	
•		%Haeufigkeit			
<b>CO</b>					
50		0.0272			
•	Eierstock-Uterus			•	
	Endokrines_Gewebe Foetal				
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch				
33	Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0000			
	<b>.</b>	0.0050			
60	Prostata				
	Sinnesorgane				
	•				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
	*Haeuf	igkeit	%Haeufigkei	N/T	T/N
5	Place	0 0003	0.0026	3.6370	0.2750
		0.0093 0.0053	0.0026 0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock		0.0104	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0048	0.4071	2.4562
		0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch		0.0378	0.1109	9.0183
		0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15		0.0106	0.0000	undef	0.0000
		0.0061	0.0000	undef	0.0000
		0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	1.4275 0.8683	0.7005 1.1517
20	Niere Pankreas	0.0059	0.0068 0.0000	undef	0.0000
		0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus		0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie				•
	Duenndarm		•	•	
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase				
٠,	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
	•	FOETUS	• •		
	·	%Haeufigkeit			
35	•	•			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal		•		
	Gehirn				
40	Haematopoetisch			•	•
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0000		•	•
	Prostata				
	Sinnesorgane				
45				•	
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIB	BLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	•	•	
50	· Dense	0.0000			
20	<u>Eierstock-Uterus</u>				
	Endokrines Gewebe				
	Foetal			•	
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch	0.0000		·	
	Haut-Muskel				
		0.0000	,		
		0.0164	•		
<b>CO</b>	Nerven				•
60	Prostata Sinnesorgane				
	Simesorgane	0.0307		•	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

	NORMAI	,	TUMOR	Verhaeltniss	9
	· %Haeuf	igkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T	T/N
5					
		0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
		0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
• •	Eierstock		0.0000	undef undef	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	0.9676	1.0335
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000	undef
15	, -	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
•	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
20		0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas		0.0055	0.3428	2.9168
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0099	0.0000	undef ·	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		•			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
33	Patriaklung	0.0000			
	Entwicklung Gastrointenstinal			3	
		0.0002			
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				
40	_	0.0037	•		
		0.0000			
	Prostata				
	Sinnesorgane				
45	<b>-</b>				
		NORMIERTE/SUI	STRAHIERTE BIE	Liotheken	
		%Haeufigkeit			
•					
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus				
•	Endokrines_Gewebe				
		0.0047	ī		
<i></i>	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch		•		
	Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0000			
60		0.0000			
60	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0155			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	е
5			%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
10	Endokrines Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741 .	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
		0.0117	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett		0.0120	0.9993	1.0007
		0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas		0.0110	0.6857	1.4584
		0.0090	0.0267	0.3369 2.6101	2.9680 0.3831
25	Prostata	0.0066	0.0064 0.0214	0.3094	3.2316
25	Brust-Hyperplasie		0.0214	0.3094	3.2310
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
•	Samenblase				
30	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
	•		:		
		FOETUS	•		
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
,	Gastrointenstinal	0.0247	•		
	Gehirn				*
40	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse				•
		0.0037			
		0.0247			
45	Prostata			•	
43	Sinnesorgane	0.0000			
	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN	
-		%Haeufigkeit			
50	•				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046	•		
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134	,		
55	Gastrointestinal		,		
	Haematopoetisch				
•	Haut-Muskel		,		
		0.0000			
40		0.0000			
60		0.0100			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e .
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
•	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
•	Sinnesorgane		,		
30	Weisse Blutkoerperchen				
50	"CTDDC_DTGC.GOCTPCTOHCH	0.001			
			•		
		FOETUS			
		%Haeufigkeit	•		
35		·			
-	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				٠.
•••		0.0000			
		0.0000	•	•	
	Prostata				
	Sinnesorgane				
45	Jimesorgane	0.0000			
15					
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit			
	**	~ ·	- · ·		
50	Brust	0.0000	•		
-	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe				
	Foetal				
	Gastrointestinal				•
55	Haematopoetisch			•	
55	Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0082			
	Nerven	and the second s			
60	Prostata				
w			<b>,</b>		
	Sinnesorgar	0.0000	•		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	<b>D</b> 1	0 0000	0.0006	0.0000	dof
		0.0000 t0.0027	0.0026 0.0044	0.6116	undef 1.6351
	Eierstock		0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0027	4.0187	0.2488
10	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
	Gehirn		0.0011	6.1928	0.1615
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0129	0.0000	undef
15		0.0021	0.0000	undef	0.0000
			0.0000	undef	0.0000
		0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0077 0.0060	0.0000 0.2855	undef 3.5025
20		0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef .	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
20	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS %Haeufigkeit			
35					
	Entwicklung			1	
	Gastrointenstinal Gehirn				
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse		•		
	<del>-</del>	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NODWIEDER / CITE	MD SUFFERE DID	TOPHEVEN	
		NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit	TKANIEKIE DID	LICINEREN	
	•	*nacuriykert			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe				
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				
		0.0078 0.0000			
	Lunge Nerven				
60	Prostata				
•	Sinnesorgane				
	DIMESOLYANE				

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T .	T/N .
5		·			
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock		0.0000	undef 0.6698	undef 1.4930
••	Endokrines_Gewebe		0.0027 0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
			0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15		0.0011	0.0000	undef	0.0000
13		0.0000	0.0117	0.0000	undef
		0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie Samenblase				
	Sinnesorgane				
30	Weisse Blutkoerperchen				
30	weisse_pidckoeiberchen	0.0017			
			:		
	·	FOETUS			
		%Haeufigkeit	•		
35 ·					
	Entwicklung				
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
40	Haematopoetisch				• •
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
		0.0037 0.0062			
	Prostata				
	Sinnesorgane				
45	Dimesorgane	0.0000		•	
.,,					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
			•		
50		0.0000			
	-Eierstock-Uterus				
	Endokrines_Gewebe				
		0.0029			
5.5	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0000			
		0.0030			
60	Prostata		•		
•••	Sinnesorgane				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	n/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
-	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal		0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn		0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	•	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0129	0.0000	undef
•	•	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	•	0.0183	0.0000	undef	0.0000
		0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre		0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
		0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas		0.0110	0.1714	5.8337
20		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.000	,	
25	Duenndarm				
.23	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase			•	
	Sinnesorgane		•		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0020	•		
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Macuriyacic			
35	Entwicklung	0.0154			
33	Gastrointenstinal				
	Gehirn				4
	Haematopoetisch			•	
	Herz-Blutgefaesse		•		
40	_	0.0000		·	
40	_	0.0000			
	Prostata		•		
	Sinnesorgane	0.000			
45					
45		NODWIEDTE / CIT	STRAHIERTE BIE	IT.TOPHEKEN	
		%Haeufigkeit	SIMMIENIE DIE	DIOTIMICAN	
		anaeurigkeit			
	Descri	0.0000			
50					
30	Eierstock-Uterus				
•	Endokrines_Gewebe				
	Foetal			•	
	Gastrointestinal				
5.5	Haematopoetisch			•	
55	Haut-Muskel		•		
		0.0000			
•		0.0000	•		
	Nerven				
<u></u>	Prostata				
60	Sinnesorgane	0.0000			

	· _	-NORMAL -	TUMOR	Verhaeltniss	B .
_		%Haeufigkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T	T/N
5	Place	0.0000	0.0051	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock		0.0052	0.0000	undef
•	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
		0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
	Haut Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	•	0.0042	0.0065 0.0000	0.7651 undef	1.3069 0.0000
	•	0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0025		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20		0.0059	0.0000	undef	0.0000
•	Pankreas		0.0055	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata Uterus		0.0000	undef undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie		0.0000	midel	0.0000
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase	0.0000			
••	Sinnesorgane		•		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	•		٠.		
		FOETUS		•	
	•	%Haeufigkeit			
<b>35</b> °	• •	-			
	Entwicklung				
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
40	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse				
	_	0.0000			
	. •	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000		•	
45				•	
		NODMIEDME (CUD	MDAUTEDME DID	TOMUEVEN	•
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  % Haeufigkeit			
		mucuriyaerc.			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal				
66	Gastrointestinal		•		
55	Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000			
		0.0000			
	Lunge				•
	Nerven				
60	Prostata				
	Sinnesorgane				
	•				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

				•	
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	•
			%Haeufigkeit		T/N
5	.,	,	•		
_	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock		0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0048	0.4071	2.4562
		0.0000	0.0022	0.0000	undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
20		0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie		0.0000	under.	wider
23					
	Duenndarm Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase Sinnesorgane				
30				•	
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		•	
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	•	*naeurigkert	9		
33	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal		•		
	Gehirn				
	Haematopoetisch				
40	•			•	
40	Herz-Blutgefaesse				
	-	0.0037 0.0000			
	Prostata				
45	Sinnesorgane	0.0000			•
45					
		NODMIEDTE / CIII	STRAHIERTE BI	RLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	MANIATION DE	)DIQIIIDI(DI(	
		anaculigheit			
50	Dwint	0.0000			
J <del>U</del>	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe				
	<del>-</del>			•	
	Gastrointestinal	0.0029			
55	Haematopoetisch				
33			•		
	Haut-Muskel				
		0.0000			
	-	0.0000			
<b>60</b>		0.0000			
60	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	•
			<b>%Haeufigkeit</b>	N/T .	T/N
5					
•	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
		0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock		0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
10	Gastrointestinal		0.0095	0.2036	4.9124
••	Gehirn		0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	0.0000
15		0.0021	0.0000	undef	0.0000
••	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0180	0.0952	10.5076
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	•		
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	•			•	
					•
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35					•
	Entwicklung				
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch				٠.
40	Herz-Blutgefaesse		•		
	-	0.0000	•		
		0.0062			
	Prostata			•	
45	Sinnesorgane	0.0140		•	
45					
	·	NORMIERTE/SII	BTRAHIERTE BII	RI.TOTHEKEN	•
		%Haeufigkeit	DIIVELLENIE DI	3220111311311	
		ond-carry act c			
50	Bruet	0.0000			
50	Eierstock-Uterus				•
	Endokrines Gewebe				
		0.0128			
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch		•		
55	Haut-Muskel				
		0.0468	•	•	
		0.0082			
		0.0060		•	
60	Prostata		•		
	Sinnesorgane		•		
		<del>-</del>			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit		
•	Place	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
5		0.0013	0.0022	0.6116 1.6351
			7 7 7 7 7 7	0.0000 undef
	Eierstock		0.0026	undef 0.0000
•	Endokrines_Gewebe		0.0000	
	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0077	0.5529 1.8085
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0025	0.0047	0.5267 1.8986
*	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef undef
20		0.0030	0.0000	undef 0.0000
• .			0.0021	3.3559 0.2980
	Prostata		1	undef 0.0000
	Uterus		0.0000	dider 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie		*•	•
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		•
•	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30				
		FOETUS		
		<b>%</b> Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			. 1
	Haematopoetisch			•
	Herz-Blutgefaesse		•	
		0.0000		
40		0.0062		
40	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000	•	
45		NODMIEDED / COS		DI TOPUEVEN
45		NORMIERTE/SUI	SIKANIEKIE BI	PPTOTUCYEU
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock-Uterus			
(2)	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal	0.0017		,
•	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		•
	Hoden	0.0000	•	
55	Lunge	0.0000		i
		0.0030		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	<b>3</b>		•	
60				
•			•	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		<b>Haeufigkeit</b>	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0093	0.0065	1.4270 0.7008
	Eierstock	0.0091	0.0130	0.7012 1.4262
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
•	Gastrointestinal	0.0039	0.0190	0.2036 4.9124
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854 2.5949
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Üterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
* * *	Samenblase			
•	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0009		
30	_			
			:	
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
1	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
,	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0074		
40		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45	·	NODWIEDER / CO	OMDAUTEDME DI	DI TORUEVEN
45		NORMIERTE/SUI	SIKANIEKIE DI	PLICINEREN
	Democrati	%Haeufigkeit	•	*
		0.0000	•	
	Eierstock-Uterus			
60	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
55		0.0156		
55		0.0000		
		0.0080		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock		0.0026	3.5059 0.2852
	Endokrines Gewebe		0.0054	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0048	3.6642 0.2729
		0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	<del>-</del>			undef 0.0000
	•	0.0249	0.0000	
1.5	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0032	0.0137	0.2312 4.3248
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0261	0.0095	2.7652 0.3616
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0297	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef 0.0000
•	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0143	0.0064	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane		0	
30	Weisse Blutkoerperchen			
30	wersse_bruckoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
35	Dankerd alalism o	*Haeufigkeit		
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			1 ,
		0.0000		
	Haematopoetisch			•
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0074		
		0.0000	•	
	Prostata	0.0000		•
	Sinnesorgane	0.0000		
45				1
		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	Liotheken
	·	%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000	•	
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
55		0.0000		
<i></i>		0.0246		
	Nerven			
	Prostata		•	
60	Sinnesorgane	0.0000	•	
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0093	0.0000	undef 0.0000
_	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0011	0.0000	undef 0.0000
15		0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroenre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20				under under
20	Pankreas		0.0000	
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus		0.0356	0.1393 7.1813
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			•
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
•	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
30				
	•		:	
	•	FOETUS		•
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		
1	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
			•	•
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	•	
	Brust	0.0000		·
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		•
55		0.0000		
,,,		0.0000		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane	· ·	•	
	31mesorgane	0.0000		
60	•			
w		•		

	*	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss
5	Blase		0.0332	0.9792 1.0213
_	Brust	0.0293	0.0196	1.4950 0.6689
	Eierstock	.0.000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451 1.5502
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
		0.0636	0.1649	0.3854 2.5949
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
		0.0212	0.0165	1.2792 0.7818
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0060	2.2841 0.4378
		0.0208	0.0137	1.5196 0.6581
20	Pankreas		0.0166	1.7142 0.5834
		0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036	1.	•
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase			
	Sinnesorgane		•	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1045		
30	•	•	•	
	•			
		POETUS		
		%Haeufigkeit		•
25	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			. 1 ,
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0148		•
40		0.0000		
	Prostata			•
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	RI.IOTHEKEN
7.5		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
50	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
		0.0000		1
55		0.0164		
		0.0040		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				
-				

T/N
undef
undef
0.4279
undef

0.0000 0.0000 undef

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltni	sse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	u
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	u
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	u
	Gastrointestinal		0.0000	undef	υ
10	Gehirn		0.0000	undef	u
10	Haematopoetisch		0.0000	undef	U
		0.0050	0.0000	undef	C
	Hepatisch		0.0000	undef	U
		0.0000	0.0000	undef	U
15		0.0000	0.0000	undef	υ
13		0.0000	0.0000	undef	່ ປ
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	υ
•	Muskel-Skelett		0.0000	undef	υ
		0.0000	0.0000	undef	υ
••	Pankreas		0.0000	undef	υ
20			0.0000	undef	Č
		0.0030		undef	Č
	Prostata		0.0000	undef	ì
	Uterus		0.0000	mider	•
	Brust-Hyperplasie				
25	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
	Sinnesorgane				
•	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			•
30					
					•
		FOETUS			
		%Haeufigkeit		•	
	. Entwicklung	0.0000			
∙35	Gastrointenstinal				
		0.0000		•	
	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
		0.0037		•	
40		0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	•	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	BLIOTHEREN	
		%Haeufigkeit			
		0.0000			
	Eierstock-Uterus		•		
50	Endokrines_Gewebe				
		0.0017			
	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				
55	Hoden	0.0078	•		
	Lunge	0.0082			
		0.0010			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane				
60					
<b>50</b>		•			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	9
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
-	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
			0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
•	<u>-</u>	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15		0.0000	0.0000	undef	undef -
		0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000	undef
		0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas			undef	0.0000
		0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
•	Uterus		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie		, ,		
25	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
30	"CIOSO_DIGINOCIPCIONON				
50					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		ondourny nort			
35	Entwicklung	0.0000			
-	Gastrointenstinal				
	Gehirn			- 1	
	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse		•		
40	=	0.0000			
10		0.0000	•		
	Prostata				
	Sinnesorgane			•	
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				
45					
	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe				
	Foetal				
	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				
55	Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0000			
	Nerven				
	Prostata				
60	Sinnesorgane				
<b>V</b> V	orinicoorgane				

	·	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		<b>%Haeufigkeit</b>	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0372	0.0230	1.6164 0.6186
		0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.9349 1.0696
	Endokrines Gewebe		0.0300	0.4262 2.3462
10	Gastrointestinal		0.0333	0.8143 1.2281
		0.0059	0.0471	0.1260 7.9354
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
		0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0259	0.1913 5.2277
15		0.0201	0.0137	1.4644 0.6829
			0.0117	0.0000 undef
		0.0274	0.0189	1.4485 0.6904
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
	Pankreas		0.0166	0.4571 2.1876 undef 0.0000
		0.0150	0.0000	undef 0.0000 3.1322 0.3193
	Prostata		0.0106 0.0000	undef 0.0000
25		0.0215	0.0000	under 0.0000
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm	0.0036		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen			
50			:	
		DODERIA.		
	•	FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
33	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0222		
		0.0309		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45	-			
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
	Rrnst	0.0000		
50	Eierstock-Uterus		•	
30	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch		•	-
55	Haut-Muskel		_	
		0.0000		
	Lunge	0.0082		
		0.0050		•
	Prostata	0.0256		
60	Sinnesorgane	0.0000		
				•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

		•		·
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
•	Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock		0.0234	0.5194 1.9254
	Endokrines Gewebe	*	0.0109	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal		0.0095	1.2214 0.8187
10		0.0051	0.0164	0.3096 3.2295
10				undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	
			0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
	· ·	0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
20	Pankreas			1.3713 0.7292
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus		0.0071	1.1604 0.8618
			0.0071	1.1004 0.0010
25	Brust-Hyperplasie		•	•
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie		•	
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
30	•	•		
		•		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0154		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0157		
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037	•	
40		0.0062		
40	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0140	•	
45		NODMIEDRE / CIT	STRAHIERTE BIE	TOTUPEN
43	4			PIOIUEVEN
		-%Haeufigkeit-		•
		0.0000		•
	Eierstock-Uterus			. ,
	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0164		
JJ		0.0110		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0000		
<b>60</b>				
60			•	

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	•	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
		0.0093	0.0283	0.3293 3.0366
	Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059 0.2852
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	7.6515 0.1307
	Herz	0.0074	0.0137	0.5395 1.8535
15		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060 `	1.9985 0.5004
		0.0238	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513 0.5402
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
)	Prostata		0.0149	2.2373 0.4470
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
, .	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183		
30	*			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung		•	
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			*
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		•
			•	
45	•	NORMTERTE / SITE	STRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
45		%Haeufigkeit	Wit	,
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal		•	
50	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		•
55		0.0000	•	
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				

	•			
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	n/T T/N
5	Blase	0.0465	0.0741	0.6271 1.5947
	Brust	0.0386	0.0501	0.7711 1.2968
	Eierstock	0.0334	0.0546	0.6121 1.6336
	Endokrines_Gewebe	0.0310	0.0300	1.0351 0.9661
	Gastrointestinal		0.0190	1.3232 0.7558
10	Gehirn	0.0458	0.0701	0.6532 1.5310
	Haematopoetisch	0.0112	0.1135	0.0986 10.1456
		0.0448	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0347	0.0000	undef 0.0000
			0.1375	0.8170 1.2240
15	Hoden	0.0366	0.0468	0.7835 1.2763
		0.0535	0.0449	1.1920 0.8389
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett		0.1860	0.3684 2.7145
		0.0119	0.0890	0.1336 7.4857
20	Pankreas		0.0828	0.1828 5.4691
20		0.1018	0.0533	1.9092 0.5238
	Prostata		0.0064	2.6101 0.3831
	Uterus		0.2634	0.2070 4.8311
			0.2034	0.20/0 1.0311
26	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
25				
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
30				
		popeno.		
		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			•
	Herz-Blutgefaesse			•
		0.0592		
40		0.0309	•	
	Prostata		• .	
	Sinnesorgane	0.0279		
4.5		NODATEDEE / OU	OMPAUTEDME DI	OT YOURKEN
45			BTRAHIERTE BI	PLICINEVER
		%Haeufigkeit		•
		0.0204	•	
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
50		0.0099		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55	-	0.0000		
		0.0171		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0387		
	_			
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
-		0.0013	0.0022	0.6116 1.6351
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
10	Gastlointesthai		0.0099	0.0860 11.6263
10			0.0000	undef undef
	Haematopoetisch			
			0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
1.5		0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
•	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
		0.0059	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932 0.1788
•	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036	' 1	•
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	•	
	Weisse Blutkoerperchen			
30	<del>-</del>			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			1
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0037	•	
40		0.0000		
70	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0000		
	•			
45		NORMTERTE / SITE	TRAHIERTE BIE	ILTOTHEKEN
13		%Haeufigkeit	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	
	Bruck	0.0136		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
30	Gastrointestinal			
•	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
55		0.0000	•	
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
<b>CO</b>				
60				

60

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkei	t N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
•	Brust	0.0000	0.0044	0.0000 undef
	Eierstock		0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe		0.0027	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal		0.0048	1.2214 0.8187
10	Gehirn		0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0032	0.0000	undef 0.0000
16 .		0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0024	0.0000 undef
			0.0153	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett			undef undef
		0.0000	0.0000	under under undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	
	Prostata		0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
30				
		nonma.		
		FOETUS		
	Date of the land	%Haeufigkeit		
26	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			•
40		0.0037		•
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0140		
45		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
43		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
50		0.0000		
50	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0000		
در		0.0030		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	arimesorgane			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608 0.6846
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0033.	3.3545 0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
-	Haut		0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef 0.0000
	•	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0240	0.2141 4.6701
		0.0178	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0110	0.1714 5.8337
20		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.7966 0.3576
			0.0214	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie		0.0214	0.232,2 1.3000
25	Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30	#e133e_Bluckoerperchen	0.0340	•	
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
55	Gehirn	·		
	Haematopoetisch			. 1
	Herz-Blutgefaesse		:	
		0.0037		•
40		0.0185		
40	Prostata		•	
	Sinnesorgane		•	
	Simesorgane	0.0336		•
45		NORMIERTE/SUE	TRAHTERTE RIP	I.TOTHEKEN
73	•	%Haeufigkeit	TIVELLENIE DIE	DIGINDIGN
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
J <b>u</b>	Gastrointestinal			
•	Haematopoetisch			
	<del>-</del>			
	Haut-Muskel	0.0000	•	
66				
55	_	0.0082		
	Nerven	the state of the s		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0310		
<b></b>				
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062 1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154 1.2263
	Eierstock		0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0054	1.0047 0.9954
	Gastrointestinal		0.0048	0.8143 1.2281
10		0.0042	0.0033	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0129	0.3826 2.6139 undef 0.0000
		0.0074	0.0000	0.2612 3.8288
15		0.0061	0.0234	1.0534 0.9493
		0.0100	0.0095	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000 0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0137	0.6512 1.5355
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
20		0.0030	0.0000	undef 0.0000
•	Prostata		0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus		0.0071	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie		0.0071	0.3203 2.0.72
25	Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
•	Weisse_Blutkoerperchen			
30				
		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0031		
		0.0000		
	Haematopoetisch			
'	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
40		0.0062		
	Prostata		*	
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NODMIEDTE / SIII	BTRAHIERTE BI	SI.TOTHEKEN
43		%Haeufigkeit	DITUMIZATION DI	,010111011
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50		0.0017		
50	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0082	•	
-		0.0010		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
60				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	<b>&gt;</b>
			%Haeufigkeit		T/N
5	•	underzykeze	<b></b>		
,	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
		0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock		0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe		0.0109	0.1674	5.9721
10	Gastrointestinal		0.0143	0.5428	1.8422
	Gehirn		0.0033	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
		0.0895	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000	•		•
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	· - ·				
	•	FOETUS			
	•	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn		•		
	Haematopoetisch		•		
	Herz-Blutgefaesse				
40		0.0148			
		0.0124	•		
	Prostata			•	
	Sinnesorgane	0.0000			
45		•			
43		NODMIEDTE / CII	BTRAHIERTE BI	RI.TOTHEKEN	
	• • •	%Haeufigkeit		D210111211111	
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus				
50	Endokrines Gewebe				
30		0.0082			
•	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel		•		
55		0.0156	•		
,,		0.0082			
		0.0080			
	Prostata				
	Sinnesorgane				
60	Jimesozgane				
<del></del>					

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis	se .
5		%Haeufigkeit	<b>tHaeufigkeit</b>	N/T	T/N
)	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10.	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	0.0000
15		0.0011	0.0000	undef	0.0000
		0.0061	0.0000	undef	0.0000
		0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	undef
20		0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas		0.0000	undef	undef
		0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
•	Samenblase				
20	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
			:		
		FOETUS			
		<b>%Haeufigkeit</b>			
35		•			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn				
	Haematopoetisch	0.0039			•
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			٠.
	Lunge	0.0037			
		0.0000			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUI	DMDSUTEDME DT	DI TOPUSUSUS	
		*Haeufigkeit	DIKWUTEKIE DI	BLIUINEREN	
		thaeurigkeit			
50	Donat	0.0000		•	•
50	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe				
	Foetal				
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch		•		
,,	Haut-Muskel				
		0.0000	•		
		0.0000			
	,	0.0010			•
60	Prostata			•	
v	Sinnesorgane				
	Dimicsonguie				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                 0.0000 undef
 5
                            Blase 0.0000
                                                  0.0128
                        Brust 0.0000
Eierstock 0.0000
                                                  0.0022
                                                                 0.0000 undef
                                                                 undef undef
                                                  0.0000
                                                                 0.1674 5.9721
               Endokrines Gewebe 0.0018
                                                  0.0109
                                                                 undef 0.0000
1.0321 0.9689
                Gastrointestinal 0.0078
                                                  0.0000
10
                           Gehirn 0.0034
                                                  0.0033
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                                                                 undef undef undef undef 0.0000
                             Haut 0.0000
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0050
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
0.3511 2.8478
                             Herz 0.0032
                                                  0.0000
                            Hoden 0.0183
Lunge 0.0025
                                                  0.0000
15
                                                  0.0071
                                                                 undef undef
undef 0.0000
undef undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0000
                                                  0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0051
                            Niere 0.0000
                                                  0.0000
                         Pankreas 0.0019
                                                  0.0110
                                                                 0.1714 5.8337
20
                         Penis 0.0120
Prostata 0.0071
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                                                                 3.3559 0.2980
                                                  0.0021
                           Uterus 0.0033
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                        Duenndarm 0.0093
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                     Samenblase 0.0000
Sinnesorgane 0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0009
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0000
35
                           Gehirn 0.0188
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0041
                            Lunge 0.0037
                            Niere 0.0000
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
45
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
                            Brust 0.0136
                Eierstock-Uterus 0.0046
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0000
50
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0000
                            Hoden 0.0000
                            Lunge 0.0164
55
                            Nerven 0.0050
                         Prostata 0.0192
                     Sinnesorgane 0.0000
```

60

65

70

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	1 .	%Haeufigkeit	%Haeufigkei	t N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158 0.1635
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0245	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0190	0.4071 2.4562
10	Gehirn	0.0119	0.0022	5.4187 0.1845
-	Haematopoetisch	0.0070	0.0757	0.0924 10.821
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698 3.7070
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214 2.3732
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745 0.2235
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase			
,	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0070		
30	_			
				•
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0031		
		0.0000	•	
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
40		0.0309		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane	0.0140		
		•		
45		NORMIERTE/SU	BTDAUTEDTE F	RIBLIOTHEKEN
45		%Haeufigkeit		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
	Descrip	0.0068		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50		0.0140		
30	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0000		,
J		0.0161		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	orinic sorgane			
60				
-		•		

```
- NORMAL
                                               TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                            0.2204 4.5368
                          Blase 0.0186
                                               0.0844
5
                                               0.0370
                                                            1.5110 0.6618
                          Brust 0.0560
                                                            1.5192 0.6582
                      Eierstock 0.0395
                                               0.0260
                                                            0.5209 1.9196
                                               0.0245
              Endokrines_Gewebe 0.0128
                                                            0.9047 1.1053
               Gastrointestinal 0.0775
                                               0.0857
                                                            0.7257 1.3779
                        Gehirn 0.0254
                                               0.0350
10
                                               0.0378
                                                            0.9610 1.0406
                Haematopoetisch 0.0364
                                                            undef 0.0000
                                              0.0000
                       Haut 0.2188
                                                            0.3401 2.9406
                      Hepatisch 0.0198
                                               0.0582
                                                            0.6225 1.6064
                                               0.1787
                           Herz 0.1112
                                                            1.5671 0.6381
                          Hoden 0.0183
                                               0.0117
15
                          Lunge 0.1133
                                               0.0804
                                                            1.4097 0.7094
                                               0.0307
                                                            2.2049 0.4535
             Magen-Speiseroehre 0.0676
                                                            5.6530 0.1769
                 Muskel-Skelett 0.1696
                                               0.0300
                          Niere 0.0684
                                               0.0753
                                                            0.9078 1.1016
                                               0.0607
                                                            0.2493 4.0107
                       Pankreas 0.0151
20
                                                            0.7019 1.4246
                                               0.1066
                          Penis 0.0749
                       Prostata 0.0715
                                               0.0106
                                                            6.7118 0.1490
                                               0.0214
                                                            2.8624 0.3494
                        Uterus 0.0611
              Brust-Hypérplasie 0.0254
                      Duenndarm 0.0997
25
           Prostata-Hyperplasie 0.0386
                    -Samenblase 0.0445
                   Sinnesorgane 0.0941
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0670
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0615
35
              Gastrointenstinal 0.0154
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0079
              Herz-Blutgefaesse 0.0041
                          Lunge 0.0074
                          Niere 0.0185
40
                        Prostata 0.0499
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0408
               Eierstock-Uterus 0.0114
              Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0338
50
               Gastrointestinal 0.1098
                Haematopoetisch 0.0114
Haut-Muskel 0.0421
                          Hoden 0.0312
                          Lunge 0.2786
55
                          Nerven 0.0080
                        Prostata 0.0192
                    Sinnesorgane 0.0000
60
```

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

·	_	NORMAL	_TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		<b></b>		
J	Rlage	0.0093	0.0153	0.6062 1.6497
		0.0160	0.0174	0.9174 1.0901
	Eierstock		0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines Gewebe		0.0109	1.8419 0.5429
			0.0333	0.5816 1.7193
10	Gastrointestinal			0.3483 2.8707
		0.0076	0.0219	0.4805 2.0811
	Haematopoetisch		0.0378	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	0.3061 3.2673
	Hepatisch		0.0323	
15	•	0.0148	0.0275	0.5395 1.8535
		0.0122	0.0000	undef 0.0000
		0.0174	0.0118	1.4748 0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9449 1.0583
	Muskel-Skelett		0.0120	1,2848 0.7783
20	Niere	0.0416	0.0068	6.0782 0.1645
-	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428 0.6482
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata		0.0085	2.2373 0.4470
	=	0.0149	0.0142	1.0444 0.9575
25	Brust-Hyperplasie			
23	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie		•	
	Samenblase		•	
•	Sinnesorgane			
20	Weisse Blutkoerperchen		•	•
30	we133e_bruckoerberchen	0.0103		
	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
. 26	Entwicklung	0.0307		
`35	Gastrointenstinal			
	Gastronitenstinat	0.0000		
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0074		
		0.0124		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
			•	•
45	•			DI TORUEVEN
			BTRAHIERTE BI	BUTOLUEVEN
		%Haeufigkeit		
	÷ .			
	,	0.0476		
50	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal	0.0175		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0114		
55	Haut-Muskel	0.0291		
		0.0000	. 35	
	Lunge	0.0082		
		0.0020		
	Prostata	0.0000		
60	Sinnesorgane	0.0310		

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltniss
			igkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T	T/N
5	B Lymphom	0.0100		0.0136		1.3590
	Blase	0.0039		0.0094		2.4102
	Brust	0.0053		0.0028		0.5323
	Dickdarm	0.0153		0.0028		0.1858
	Duenndarm	0.0027		0.0000		0.0000
10	Eierstock	0.0030		0.0000		0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032		0.0114		3.5381
	Gehirn	0.0072		0.0060		0.8271
	Haut	0.0037		0.0000		0.0000
	Hepatisch	0.0046		0.0127		2.7307
15	Herz	0.0071		0.0137		1.9348
	Hoden	0.0080		0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0107		0.0037	2.8941	0.3455
	Magen-Speiser.	0.0000		0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045		0.0048	0.9284	1.0771
20	Pankreas	0.0116		0.0055	2.0940	0.4776
	Prostata	0.0038		0.0013	2.8940	0.3455
•	T Lymphom	0.0025		0.0075		2.9576
	T_bymphom Uterus	0.0031		0.0092	0.3368	
25	Weisse_Blutkoerper.			0.0000		0.0000
23	Haematopoetisch	0.0067				
	•	0.0054				
	Penis	0.0000				
	Samenblase	0.0000				
20	Sinnesorgane	0.0000		•		
30	•					
			FOETUS	•		
				igkeit		
	Pinteri	cklung				
25	Gastrointen					
35		Gehirn				
	Haematopo					. 1
	наемасоро		0.0000			
	llan	atisch				
40	Herz-Blutge	fice	0.0000			
40	Herz-Blutge	Lunge	0.0071			
	Naha.	nniere				
	Nebe		0.0124			•
	n:	acenta				
45						
45		ostata				
	Sinnes	organe	0.0000	,		
			NODME	ERTE/SUBTRAHIE	ידם שיים	T.TOPHEKEN
<b>CO</b>				EKIE/SUDIKANIE Eigkeit	WIE DI	
50		D	0.0204			
	-	Brust	0.020			
		Brust_t				•
		darm_t				
		stock_n				
55		tock_t				
	Endokrines_					
		Foetal				
	Gastrointe					
	Haematopo	petisch	0.000	0		
60	Haut-	-Muskel	0.013	0		
	J	Hoden_n	0.016	7		
	1	Hoden_t	0.000	0		
	1	Lunge_n	0.000	0		
	1	Lunge_t	0.000	0		
65		Nerven	0.007	0		
		Niere_t				
	Ovar	Uterus	0.020	3		
	Pro	stata n	0.012	1		
		sorgane				
70	Weisse Blutkoer	perchen	0.000	0		
7.0	HETDOC DIGCHOCK	r				

```
Verhaeltnisse
                                                 __TUMOR
                                   NORMAL
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                 undef 0.0000
                        B_Lymphom 0.0075
                                                  0.0000
 5
                                                                 0.6638 1.5064
                                                  0.0117
                            Blase 0.0078
                                                                 0.6784 1.4741
                         Brust 0.0114
Dickdarm 0.0115
                                                  0.0169
                                                  0.0085
                                                                 1.3456 0.7432
                                                                 1.0306 0.9703
                                                  0.0107
                        Duenndarm 0.0110
               Eierstock 0.0059
Endokrines Gewebe 0.0144
                                                  0.0072
                                                                 0.8295 1.2055
10
                                                  0.0038
                                                                 3.8156 0.2621
                                                                 1.7586 0.5686
                           Gehirn 0.0193
                                                  0.0110
                                                                 undef 0.0000
                        Haut 0.0220
Hepatisch 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                  0.0190
                                                                 1.2552 0.7967
                             Herz 0.0173
                                                  0.0137
15
                            Hoden 0.0080
Lunge 0.0165
                                                                 1.3570 0.7369
                                                  0.0059
                                                                 1.4909 0.6707
                                                  0.0111
                                                                 0.0000 undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0128
                  Muskel-Skelett 0.0051
Niere 0.0179
                                                                 1.3917 0.7186
                                                  0.0037
                                                                 3.7136 0.2693
                                                  0.0048
20
                        Pankreas 0.0033
Prostata 0.0085
T_Lymphom 0.0101
                                                                 0.0748 13.3714
                                                  0.0442
                                                                 2.1705 0.4607
                                                  0.0039
                                                                 1.3525 0.7394
                                                  0.0075
                                                                 0.6735 1.4847
                                                  0.0138
                           Uterus 0.0093
          Weisse Blutkoerperchen 0.0096
                                                  0.0304
                                                                 0.3156 3.1685
25
                 Haematopoetisch 0.0094
                             Penis 0.0134
                       Samenblase 0.0352
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0188
                  Haematopoetisch 0.0079
                             Haut 0.0000
                       ... Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                             Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0185
                          Placenta 0.0182
                          Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
50
                             Brust 0.0068
                           Brust t 0.0000
                       Dickdarm_t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
                      Eierstock t 0.0101
 55
                Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0029
                 Gastrointestinal 0.0244
                  Haematopoetisch 0.0513
                       Haut-Muskel 0.0194
 60
                           Hoden_n 0.0000
Hoden_t 0.0000
                           Lunge_n 0.0586
                           Lunge t 0.0000
                            Nerven 0.0161
 65
                           Niere t 0.0000
                       Ovar_Uterus 0.0068
                        Prostata_n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0077
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

PCT/DE99/00722

```
NORMAL
                                                   TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0075 0.0000 undef 0.0000
                                                   0.0000
                        B_Lymphom 0.0075
5
                                                                 3.3190 0.3013
                                                   0.0047
                             Blase 0.0156
                        Brust 0.0185
Dickdarm 0.0307
                                                   0.0211
                                                                 0.8767 1.1406
                                                                 1.5378 0.6503
                                                  0.0199
                                                                 0.3865 2.5875
                        Duenndarm 0.0082
                                                   0.0213
                        Eierstock 0.0059
                                                   0.0334
                                                                 0.1778 5.6255
10
                                                                 1.1468 0.8720
               Endokrines_Gewebe 0.0305
                                                   0.0266
                                                                 2.0767 0.4815
                           Gehirn 0.0393
                                                   0.0189
                                                                  undef 0.0000
                              Haut 0.0257
                                                   0.0000
                                                                 0.0000 undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                   0.0127
                             Herz .0.0447
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
15
                                                                  1.3571 0.7369
                                                   0.0118
                             Hoden 0.0161
                                                                  1.1739 0.8519
                           Lunge 0.0282
                                                   0.0240
                                                                 undef 0.0000
2.0875 0.4790
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                   0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0154
Niere 0.0269
                                                   0.0074
                                                                 1.3927 0.7180
                                                   0.0193
20
                                                                 undef 0.0000
2.7494 0.3637
                         Pankreas 0.0066
                                                   0.0000
                                                   0.0065
                        Prostata 0.0179
                                                                 0.2630 3.8026
                        T_Lymphom 0.0177
                                                   0.0672
                                                                 2.5703 0.3891
                           Uterus 0.0118
                                                   0.0046
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0226
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0147
                             Penis 0.0188
                       Samenblase 0.0281
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0167
35
                            Gehirn 0.0188
                  Haematopoetisch 0.0079
                              Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0356
40
                            Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0254
Niere 0.0185
                          Placenta 0.0182
                         Prostata 0.0249
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
50
                             Brust 0.0068
                           Brust_t 0.0000
                       Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock n 0.1595
                      Eierstock t 0.0000
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0122
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0292
60
                           Hoden_n 0.0167
                           Hoden_t 0.0000
                           Lunge n 0.0195
Lunge t 0.0000
                            Nerven 0.0311
65
                       Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0090
                        Prostata n 0.0061
                      Sinnesorgane 0.0310
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
Verhaeltnisse
                                                TUMOR
                                  NORMAL
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
                       B_Lymphom 0.0050
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
5
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                           Blase 0.0078
                           Brust 0.0088
                                                0.0070
                                                              1.2524 0.7985
                                                0.0085
                                                              1.7941 0.5574
                        Dickdarm 0.0153
                                                              0.9018 1.1089
                       Duenndarm 0.0192
                                                0.0213
                                                0.0262
                                                              0.2262 4.4200
                       Eierstock 0.0059
10
                                                0.0142
                                                              2.3766 0.4208
              Endokrines_Gewebe 0.0337
                                                              2.2381 0.4468
                          Gehirn 0.0156
                                                0.0070
                            Haut 0.0073
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                0.0063
                                                              1.4649 0.6826
                       Hepatisch 0.0093
                                                              undef 0.0000
                            Herz 0.0183
                                                0.0000
15
                           Hoden 0.0161
                                                0.0059
                                                              2.7142 0.3684
                                                              1.6663 0.6001
                           Lunge 0.0185
                                                0.0111
                                                              undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0051
                                                              1.3917 0.7186
                                                0.0037
                                                              3.2497 0.3077
                                                0.0048
                           Niere 0.0157
20
                                                              1.7949 0.5571
                        Pankreas 0.0099
                                                0.0055
                        Prostata 0.0160
                                                0.0065
                                                              2.4600 0.4065
                                                0.0299
                                                              0.5072 1.9717
                       T_Lymphom 0.0152
                                                              1.9277 0.5188
                          Uterus 0.0089
                                                0.0046
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0164
                                                0.0304
                                                              0.5410 1.8483
25
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0141
                    Sinnesorgane 0.0118
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
              Entwicklung 0.0139
Gastrointenstinal 0.0056
35
                          Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0118
                       Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0178
                           Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0182
                        Prostata 0.0249
45
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
50
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
               Eierstock t 0.0101
Endokrines Gewebe 0.0000
55
                          Foetal 0.0058
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0194
60
                          Hoden_n 0.0084
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge n 0.0195
                          Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0090
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0090
                       Prostata n 0.0121
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                                  TUMOR
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0100 0.0000 undef 0.0000
                        B_Lymphom 0.0100
 5
                                                                 1.6595 0.6026
                            Blase 0.0078
                                                  0.0047
                                                                 1.4090 0.7097
                            Brust 0.0079
                                                  0.0056
                        Dickdarm 0.0057
                                                  0.0085
                                                                 0.6728 1.4864
                                                                 undef 0.0000
                        Duenndarm 0.0082
                                                  0.0000
                                                                 0.2074 4.8219
                        Eierstock 0.0030
                                                  0.0143
10
               Endokrines_Gewebe 0.0112
                                                 0.0106
                                                                 1.0563 0.9467
                                                                 1.3056 0.7659
                                                  0.0040
                           Gehirn 0.0052
                                                                 undef 0.0000
                             Haut 0.0037
                                                  0.0000
                                                  0.0063
                                                                 0.0000 undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                                 undef 0.0000
                             Herz 0.0132
                                                  0.0000
15
                                                                 undef 0.0000
                            Hoden 0.0040
                                                  0.0000
                                                  0.0129
                                                                 0.9021 1.1085
                            Lunge 0.0117
                                                                 0.0000 undef
                                                  0.0064
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                                 1.1597 0.8623
                  Muskel-Skelett 0.0086
                                                  0.0074
                         Niere 0.0179
Pankreas 0.0083
                                                                 3.7139 0.2693
                                                  0.0048
20
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 1.7364 0.5759
                         Prostata 0.0113
                                                  0.0065
                        T_Lymphom 0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                  0.0149
                                                                 0.9638 1.0375
                                                  0.0046
                           Uterus 0.0044
                                                                 0.2480 4.0326
          Weisse Blutkoerperchen 0.0075
                                                  0.0304
25
                 Haematopoetisch 0.0067
Penis 0.0080
                       Samenblase 0.0141
                     Sinnesorgane 0.0118
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0039
                              Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                             Niere 0.0062
                          Placenta 0.0242
                          Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                  -NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   -%Haeufigkeit
50
                             Brust 0.0000
                       Brust_t 0.0000
Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
                Eierstock t 0.0000
Endokrines Gewebe 0.0000
55
                           Foetal 0.0023
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0065
60
                           Hoden_n 0.0042
Hoden_t 0.0000
                           Lunge n 0.0195
                           Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0050
65
                           Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0000
Prostata_n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0774
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0000 0.0047	undef undef 7.4677 0.1339
		0.0351 0.0070	0.0014	5.0097 0.1996
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock		0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0035	0.4527 2.2091
	Gehirn		0.0060	0.2901 3.4467 undef undef
	Haut Hepatisch	0.0000	0.0000 0.0063	0.0000 undef
15		0.0020	0.0137	0.1477 6.7715
13		0.0040	0.0000	undef 0.0000
		0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	·	0.0000	undef 0.0000
20		0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	•	0.0055 0.0026	0.2992 3.3427 2.8941 0.3455
	Prostata T Lymphom		0.0020	undef 0.0000
	Uterus		0.0046	1.2851 0.7781
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	•	•
		0.0054		
	Samenblase			
20	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS	•	
		<b>Haeufigkeit</b>		
	Entwicklung		·	
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn Haematopoetisch			
,		0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
	Nebenniere			
	Niere Placenta	0.0185		
45	Prostata			
45	Sinnesorgane			
	•			
	•			OT TOMURKEN
50		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	DEIOTREREN
30	Brust	0.0340		
	Brust t			
	Dickdarm_t			
	Eierstock_n			
55	Eierstock_t		•	
	Endokrines_Gewebe	0.0007		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
	Hoden_n			
	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
65		0.0020		
	Niere_t Ovar_Uterus			
	Prostata n			
	Sinnesorgane		•	
70	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		•
	<del>-</del> .			

```
NORMAL
                                                       TUMOR
                                                                      Verhaeltnisse
                                      %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0100 0.0000 undef 0.0000
 5
                          B Lymphom 0.0100
                               Blase 0.0273
Brust 0.0150
                                                       0.0117
                                                                      2.3233 0.4304
                                                                      1.5208 0.6576
                                                      0.0098
                                                                      2.6911 0.3716
                                                      0.0028
                           Dickdarm 0.0077
                          Duenndarm 0.0110
                                                      0.0000
                                                                      undef 0.0000
                                                                      3.7330 0.2679
                          Eierstock 0.0089
10
                                                      0.0024
                Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                                      0.3018 3.3136
                                                      0.0053
                          Gehirn 0.0069
Haut 0.0037
                                                     0.0100
                                                                      0.6963 1.4361
                                                                      undef 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      0.0000 undef
                          Hepatisch 0.0000
                                                       0.0190
                              Herz 0.0081
Hoden 0.0040
                                                      0.0137
                                                                      0.5907 1.6929
15
                                                                      undef 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      0.6139 1.6289
                               Lunge 0.0068
                                                      0.0111
               Magen-Speiseroehre 0.0072
Muskel-Skelett 0.0086
                                                                      0.5668 1.7644
                                                      .0.0128
                                                                      2.3194 0.4311
                                                      0.0037
                                                                      undef 0.0000
0.8975 1.1142
                               Niere 0.0112
                                                      0.0000
20
                           Pankreas 0.0050
                                                      0.0055
                           Prostata 0.0141
                                                                      0.8348 1.1978
                                                      0.0169
                                                                      2.7049 0.3697
                          T_Lymphom 0.0202
                                                      ,0.0075
                                                                      undef 0.0000
undef 0.0000
                             Uterus 0.0177
                                                       0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0096
                                                       0.0000
25
                   Haematopoetisch 0.0187
                          ___ Penis 0.0080
                         Samenblase 0.0281
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                       FOETUS
                                       %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0056
35
                             Gehirn 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0157
                          Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
40
                Herz-Blutgefaesse 0.0071
                         Lunge 0.0145
Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
Placenta 0.0000
                           Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0000
                                      NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                               - *Haeufigkeit
50
                               Brust_0.0068
                         Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                 Eierstock 0.0000
Eierstock 0.0000
Endokrines Gewebe 0.0000
55
                              Foetal 0.0046
                  Gastrointestinal 0.0122
Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0000
60
                             Hoden n 0.0000
Hoden t 0.0000
                             Lunge_n 0.0098
Lunge_t 0.0000
65
                              Nerven 0.0010
                             Niere_t 0.0000
                        Ovar Uterus 0.0023
                          Prostata n 0.0121
                       Sinnesorgane 0.0155
 70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                                                    Verhaeltnisse
                                     NORMAL
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                           T/N
                                                                    undef 0.0000
undef 0.0000
 5
                         B Lymphom 0.0050
                                                    0.0000
                             Blase 0.0078
Brust 0.0018
                                                    0.0000
                                                                    0.1566 6.3876
                                                    0.0112
                                                                    1.0092 0.9909
                          Dickdarm 0.0057
                                                    0.0057
                         Duenndarm 0.0027
                                                    0.0000
                                                                    undef 0.0000
                                                                    0.4148 2.4109
10
                         Eierstock 0.0059
                                                    0.0143
                Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                    0.0053
                                                                   0.6036 1.6568
                            Gehirn 0.0029
                                                    0.0060
                                                                    0.4835 2.0680
                                                                    undef undef
                               Haut 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef 0.0000
undef 0.0000
undef undef
                         Hepatisch 0.0093
                                                    0.0000
                              Herz 0.0051
                                                    0.0000
15
                              Hoden 0.0000
                                                    0.0000
                              Lunge 0.0039
                                                    0.0037
                                                                    1.0524 0.9502
              Magen-Speiseroehre 0.0072
Muskel-Skelett 0.0017
                                                                    undef 0.0000
                                                   0.0000
                                                                    0.4639 2.1557
                                                    0.0037
                              Niere 0.0112
                                                    0.0048
                                                                    2.3212 0.4308
20
                          Pankreas 0.0099
Prostata 0.0066
                                                                    1.7949 0.5571
                                                    0.0055
                                                                   1.0129 0.9872
                                                    0.0065
                         T_Lymphom 0.0025
                                                    0.0000
                                                                    undef 0.0000
          Uterus 0.0000
Weisse_Blutkoerperchen 0.0034
                                                                   undef undef undef undef 0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0000
25
                  Haematopoetisch 0.0053
                              Penis 0.0080
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
35
                Gastrointenstinal 0.0056
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                               Haut 0.0000
                        ...Hepatisch 0.0260
                Herz-Blutgefaesse 0.0107
40
                        Lunge 0.0000
Nebenniere 0.0000
                              Niere 0.0000
                           Placenta 0.0061
                           Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                     %Haeufigkeit
                              Brust 0.0000
                           Brust_t 0.0000
                        Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock_n 0.0000
                Eierstock t 0.0000
Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0000
55
                 Gastrointestinal 0.0000
Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0000
60
                            Hoden_n 0.0000
                            Hoden t 0.0000
                            Lunge_n 0.0098
                            Lunge_t 0.0000
65
                             Nerven 0.0030
                            Niere_t 0.0000
                       Ovar_Uterus 0.0000
                         Prostata_n 0.0243
                      Sinnesorgane 0.0000
 70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

	,		•	
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0136	0.5519 1.8120
		0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
		0.0053	0.0056	0.9393 1.0646
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0072	0.8296 1.2055
	Endokrines_Gewebe		0.0018	9.9589 0.1004
	Gehirn		0.0050	1.5087 0.6628
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0127	0.0000 undef
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0161	0.0000	undef 0.0000
		0.0088	0.0111	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehre		0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0074	0.4639 2.1557
20	Pankreas	0.0090	0.0048	1.8570 0.5385
	Prostata		0.0055	1.7949 0.5571 8.6822 0.1152
	T Lymphom		0.0013 0.0075	0.3381 2.9576
		0.0059		1.2851 0.7781
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
23	Haematopoetisch		0.0000	under o.ooo
•		0.0080		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Simesorgane	0.0000		
50				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0111		
	Gehirn	0.0000	ý. •	
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		•
40	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0000		
	Nebenniere			
		0.0000		
45	Placenta			
45	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		•
				•
		NODMIEDTE /CIII	STRAHIERTE BIE	OT TOPUPEEN
50		%Haeufigkeit		STICINEREN
50	Brust	0.0068		
	Brust_t			
	Dickdarm t			
	Eierstock n			
55	Eierstock t			
33	Endokrines Gewebe			
		0.0127		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel		•	
00	Hoden n			
	Hoden t			
	Lunge n			
	Lunge t			
65		0.0040		
	Niere_t			
	Ovar Uterus			·
	Prostata n		•	
	Sinnesorgane		•	
70	Weisse Blutkoerperchen			
. •				

```
Verhaeltnisse
                                                    TUMOR
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0000 0.0000 undef undef
                                                    0.0000
                         B_Lymphom 0.0000
5
                                                                   0.0000 undef
                             Blase 0.0000
Brust 0.0053
                                                    0.0023
                                                                   0.9393 1.0646
                                                    0.0056
                                                                   undef 0.0000
undef undef
                                                    0.0000
                          Dickdarm 0.0057
                         Duenndarm 0.0000
Eierstock 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                                                    0.0000
10
                                                                   0.3018 3.3136
                                                    0.0053
                Endokrines Gewebe 0.0016
                            Gehirn 0.0035
Haut 0.0000
                                                                   1.7408 0.5745
                                                    0.0020
                                                                   undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0000
                         Hepatisch 0.0046
                                                    0.0000
                              Herz 0.0010
15
                                                                   0.0000 undef
                                                    0.0059
                             Hoden 0.0000
                                                                   undef 0.0000
undef undef
undef 0.0000
                             Lunge 0.0019
                                                    0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0017
                                                    0.0000
                                                    0.0000
                                                                   0.9285 1.0770
                             Niere 0.0045
                                                    0.0048
20
                                                                   undef 0.0000
                                                    0.0000
                          Pankreas 0.0033
                          Prostata 0.0038
                                                                   undef 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
1.2851 0.7781
                                                    0.0000
                         T_Lymphom 0.0000
                            Uterus 0.0059
                                                    0.0046
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                                                   undef 0.0000
                                                    0.0000
25
                  Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0080
                        Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0118
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
                Gastrointenstinal 0.0000
35
                            Gehirn 0.0125
                  Haematopoetisch 0.0000
                              Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                        Lunge 0.0036
Nebenniere 0.0000
                             Niere 0.0062
                          Placenta 0.0000
                          Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                     %Haeufigkeit
50
                              Brust 0.0000
                            Brust_t 0.0000
                        Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock_n 0.1595
                       Eierstock_t 0.0000
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0046
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0097
60
                            Hoden_n 0.0000
                            Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                            Lunge_t 0.0000
                             Nerven 0.0070
 65
                            Niere_t 0.0000
                       Ovar Uterus 0.0023
                         Prostata n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0077
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

	• •			
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse N/T T/N
_			%Haeufigkeit	undef 0.0000
5	B_Lymphom		0.0000	0.0000 undef
		0.0000	0.0094	••••
		0.0025	0.0089	0.2799 3.5727
	Dickdarm		0.0228	0.2523 3.9638
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0095	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe		0.0033	2.9275 0.3416
	Gehirn		0.0050	2.6904 0.3717
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0063	1.4649 0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907 1.6928
•	Hoden	0.0161	0.0000	undef 0.0000
		0.0049	0.0037	1.3158 0.7600
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000 undef
20		0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0092	0.3604 2.7748
	Prostata	0.0113	0.0078	1.4470 0.6911
	T_Lymphom	0.0033	0.0173	0.1901 5.2613
		0.0118	0.0046	2.5702 0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			
		0.0027		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	<u> </u>			•
50				
	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung	-		
35	Gastrointenstinal			
<i>J</i> J		0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036	•	
40		0.0108		
70	Nebenniere			
		0.0000		•
	Placenta			•
	Prostata			•
45	Sinnesorgane			
43	o i me sor qui e	0.0120		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0068		•
50	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe	0.0019		
55	Tootal	0.0066		
22	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel Hoden n			
60	Hoden t			*
60				
	Lunge_n	0.0000		•
	Lunge_t			
		0.0191		
	Niere_t	0.0495		
65	Ovar_Uterus	0.0325		
	Prostata_n			•
	Sinnesorgane	0.0077		

```
NORMAL
                                                   TUMOR
                                                                  Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                       T/N
                                                                  undef 0.0000
 5
                        B_Lymphom 0.0025
                                                   0.0000
                             Blase 0.0000
                                                                  0.0000 undef
                                                   0.0094
                             Brust 0.0070
                                                   0.0056
                                                                  1.2524 0.7985
                                                                  undef 0.0000
undef 0.0000
                         Dickdarm 0.0057
                                                   0.0000
                        Duenndarm 0.0055
                                                   0.0000
                                                                  3.1108 0.3215
                        Eierstock 0.0148
10
                                                  0.0048
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                   0.0018
                                                                  0.9054 1.1045
                           Gehirn 0.0064
                                                                  1.0638 0.9400
                                                   0.0060
                                                                  undef 0.0000
                              Haut 0.0110
                                                   0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                   0.0127
                                                                  0.0000 undef
                             Herz 0.0030
                                                                  undef 0.0000
15
                                                   0.0000
                             Hoden 0.0080
                                                                  0.6786 1.4737
                                                   0.0118
                            Lunge 0.0019
                                                   0.0074
                                                                  0.2631 3.8007
              Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                   0.0000
                            Niere 0.0045
                                                   0.0000
20
                         Pankreas 0.0017
                                                   0.0000
                                                                  2.1706 0.4607
                         Prostata 0.0057
                                                   0.0026
                        T_Lymphom 0.0025
                                                                  undef 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  0.3213 3.1125
                           Uterus 0.0015
                                                   0.0046
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0048
                 Haematopoetisch 0.0067
                            Penis 0.0027
                       Samenblase 0.0070
                     Sinnesorgane 0.0118
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0111
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0072
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                          Placenta 0.0121
45
                          Prostata 0.0249
                     Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0136
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines Gewebe 0.0245
Foetal 0.0017
Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0032
60
                          Hoden_n 0.0042
                           Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0060
65
                      Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0023
                       Prostata_n 0.0182
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
Verhaeltnisse
                                    NORMAL
                                                  TUMOR
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0000 0.0000 undef undef
                         B Lymphom 0.0000
                                                   0.0000
5
                                                   0.0023
                                                                  1.6595 0.6026
                             Blase 0.0039
                                                                  undef 0.0000
                                                   0.0000
                             Brust 0.0018
                         Dickdarm 0.0019
                                                   0.0028
                                                                  0.6728 1.4864
                                                   0.0000
                                                                  undef 0.0000
                         Duenndarm 0.0027
                                                                  undef undef
undef 0.0000
10
                         Eierstock 0.0000
                                                   0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                   0.0000
                                                                  0.0000 undef
                            Gehirn 0.0000
                                                   0.0020
                                                                  undef undef
undef undef
undef undef
                              Haut 0.0000
                                                   0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                   0.0000
                             Herz 0.0000
                                                   0.0000
15
                                                                  0.0000 undef
                             Hoden 0.0000
                                                   0.0059
              Lunge 0.0010
Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                                  0.5262 1.9004
                                                   0.0018
                                                                  undef undef
                                                   0.0000
                                                                  0.4639 2.1557
                   Muskel-Skelett 0.0017
                                                   0.0037
                          Niere 0.0000
Pankreas 0.0017
                                                                  undef undef undef undef 0.0000
                                                   0.0000
20
                                                   0.0000
                                                                  undef 0.0000
undef undef
undef undef
                                                   0.0000
                         Prostata 0.0038
                         T_Lymphom 0.0000
                                                   0.0000
                            Uterus 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef 0.0000
                                                   0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0007
                  Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0027
                        Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000
35
                           Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                             Lunge 0.0036
                        Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                          Placenta 0.0000
45
                          Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                           Brust_t 0.0000
                        Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock_n 0.0000
55
                       Eierstock t 0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0035
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                       Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden n 0.0000
                           Hoden_t 0.0000
                           Lunge_n 0.0000
                           Lunge_t 0.0000
Nerven 0.0000
65
                           Niere_t 0.0000
                       Ovar_Uterus 0.0000
                        Prostata_n 0.0121
                      Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
Verhaeltnisse
                                                    TUMOR
                                     NORMAL
                                                                         T/N
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   0.3679 2.7181
                                                    0.0136
                         B_Lymphom 0.0050
5
                                                                   0.0000 undef
                             Blase 0.0000
                                                    0.0023
                                                                   1.2524 0.7985
                                                    0.0042
                             Brust 0.0053
                                                                   0.6728 1.4864
                                                    0.0057
                          Dickdarm 0.0038
                                                                   undef 0.0000
2.0739 0.4822
                         Duenndarm 0.0055
                                                    0.0000
                         Eierstock 0.0148
                                                    0.0072
10
                                                                   0.7545 1.3254
                                                    0.0106
                Endokrines Gewebe 0.0080
                                                                   0.7737 1.2925
                            Gehirn 0.0046
                                                    0.0060
                                                                   undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                              Haut 0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0000
                         Hepatisch 0.0093
                              Herz 0.0041
                                                    0.0000
15
                              Hoden 0.0120
                                                    0.0000
                                                                   0.5262 1.9004
                                                    0.0018
                             Lunge 0.0010
                                                                   undef undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                    0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0086
                                                                   0.4639 2.1557
                                                    0.0185
                                                                   0.4642 2.1540
                             Niere 0.0022
                                                    0.0048
20
                                                                   undef 0.0000
1.4470 0.6911
                          Pankreas 0.0017
                                                    0.0000
                          Prostata 0.0019
                                                    0.0013
                         T_Lymphom 0.0000
                                                                   0.0000 undef
                                                    0.0075
                                                                   0.0643 15.5627
                            Uterus 0.0015
                                                    0.0230
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0014
                                                    0.0000
                                                                   undef 0.0000
25
                  Haematopoetisch 0.0027
                             Penis 0.0027
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0139
35
                            Gehirn 0.0188
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                              Lunge 0.0000
                        Nebenniere 0.0000
                              Niere 0.0062
                           Placenta 0.0061
                           Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0126
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                     %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0000
Brust_t 0.0000
                        Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
                Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0151
Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0130
60
                            Hoden_n 0.0376
                            Hoden t 0.0000
                            Lunge_n 0.0098
Lunge_t 0.0000
                             Nerven 0.0100
 65
                            Niere_t 0.0000
                        Ovar_Uterus 0.0045
                         Prostata n 0.0182
                       Sinnesorgane 0.0310
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
Verhaeltnisse
                                                 TUMOR
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
                                                 0.0136
                                                               0.0000 undef
                       B Lymphom 0.0000
5
                                                               2.4892 0.4017
                            Blase 0.0117
                                                 0.0047
                                                               1.8786 0.5323
                            Brust 0.0053
                                                 0.0028
                                                               undef 0.0000
                         Dickdarm 0.0038
                                                 0.0000
                                                               0.5153 1.9406
                       Duenndarm 0.0110
                                                 0.0213
                                                               0.4148 2.4109
                       Eierstock 0.0030
                                                 0.0072
10
                                                               1.2071 0.8284
                                                 0.0053
              Endokrines Gewebe 0.0064
                                                               0.4559 2.1934
                          Gehirn 0.0064
                                                 0.0140
                            Haut 0.0110
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                                                               0.0000 undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0254
                                                               0.0000 undef
                            Herz 0.0000
                                                 0.0137
15
                                                 0.0059
                                                               0.0000 undef
                            Hoden 0.0000
                                                               1.2278 0.8144
                            Lunge 0.0068
                                                 0.0055
                                                               undef undef
undef undef
0.6964 1.4360
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                 0.0096
                           Niere 0.0067
20
                                                               undef 0.0000
                         Pankreas 0.0017
                                                 0.0000
                        Prostata 0.0104
                                                 0.0039
                                                               2.6529 0.3769
                       T_Lymphom 0.0025
                                                               0.3381 2.9576
                                                 0.0075
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                          Uterus 0.0044
                                                 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                                 0.0000
25
                Haematopoetisch 0.0013
                            Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0418
               Gastrointenstinal 0.0000
35
                          Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0000
                         Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0051
55
               Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden_n 0.0000
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0030
65
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0023
                       Prostata n 0.0061
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
70
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	·		%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0136	0.7358 1.3590
		0.0117	0.0094	1.2446 0.8035
		0.0150	0.0056	2.6614 0.3757
	Dickdarm		0.0199	0.1922 5.2023
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000 0.5530 1.8082
10	Eierstock		0.0215	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •
	Endokrines_Gewebe		0.0053	0.9054 1.1045
	Gehirn		0.0040	1.1605 0.8617 undef 0.0000
		0.0037	0.0000	0.2441 4.0959
	Hepatisch		0.0190	1.0337 0.9674
15		0.0142 0.0080	0.0137 0.0118	0.6786 1.4737
		•		0.8419 1.1877
		0.0078	0.0092	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0064 0.0074	0.4639 2.1557
20	Muskel-Skelett	0.0054	0.0096	0.6964 1.4360
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0039	3.1353 0.3190
	T Lymphom		0.0224	0.4508 2.2182
	Uterus		0.0046	0.9638 1.0375
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
23	- Haematopoetisch		0.0000	midel 0.000
		0.0134		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Simesorgane	0.0110		
50				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0139		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0157	•	
	Haut	0.0000		•
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0181		
	Nebenniere			
	Niere	0.0000		
	Placenta			
45	Prostata			
•	Sinnesorgane	0.0000		
	•	NODMIEDED /OM	ompauronme pri	TORUPPEN
60			BTRAHIERTE BII	PLICITEREN
50	Donat	%Haeufigkeit 0.0000		
	Brust_t			
	Dickdarm_t Eierstock n			
55	Eierstock t			
33	Endokrines Gewebe			
	<del>-</del>	0.0087		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
•••	Hoden n			
	Hoden t			
	Lunge n			
	Lunge t			
65		0.0100		
U)				
	Niere_t		•	
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
70	Sinnesorgane	0.0000	•	
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

	. •	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0078	0.0117	0.6638 1.5065
		0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
•	Dickdarm		0.0028	7.4006 0.1351
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000 4.9773 0.2009
10	Eierstock		0.0024	0.2263 4.4181
•	Endokrines_Gewebe		0.0142 0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
		0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0279	0.0137	0.5169 1.9347
15		0.0040	0.0000	undef 0.0000
		0.0292	0.0148	1.9733 0.5068
	Magen-Speiseroehre		0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0052	2.7132 0.3686
	T_Lymphom		0.0000	undef undef
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef undef
20	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Samenblase	0.0070		
	Sinnesorgane	0.0000	•	
30				
	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
,	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0145		
	Nebenniere	0.0000		
	. Placenta			, ,
45	Prostata			
43	Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.000		•
				•
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
50		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Brust t	0.0000		
	Dickdarm t			
	Eierstock_n	0.0000		•
55	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe	0.0000		
•	Foetal	0.0058 .		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel			
	Hoden_n			
	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			•
65		0.0020	•	
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus		•	•
	Prostata_n			
	Sinnesorgane	0.0000		
70	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                                        TUMOR
                                                                        Verhaeltnisse
                                       %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0025 0.0000 undef 0.0000
 5
                           B Lymphom 0.0025
                                Blase 0.0000
Brust 0.0035
                                                                        0.0000 undef
                                                        0.0094
                                                                        0.6262 1.5969
                                                        0.0056
                                                                       undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                            Dickdarm 0.0038
                                                        0.0000
                           Duenndarm 0.0027
                                                        0.0000
                           Eierstock 0.0059
10
                                                        0.0000
                 Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                        0.0018
                                                                        2.7161 0.3682
                              Gehirn 0.0035
Haut 0.0000
                                                                        3.4816 0.2872
                                                        0.0010
                                                                        undef undef
                                                        0.0000
                                                                        0.0000 undef
                           Hepatisch 0.0000
                                                        0.0063
                                                                       undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
0.4639 2.1557
                                                        0.0000
15
                                 Herz 0.0020
                                Hoden 0.0040
                                                        0.0000
                                Lunge 0.0049
                                                        0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0072
Muskel-Skelett 0.0017
                                                        0.0000
                                                        0.0037
                                                                       undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
20
                                Niere 0.0022
                                                        0.0000
                            Pankreas 0.0017
Prostata 0.0038
                                                        0.0000
                                                        0.0000
                           T_Lymphom 0.0126
                                                        0.0000
           Uterus 0.0074
Weisse Blutkoerperchen 0.0055
                                                                        1.6064 0.6225
                                                        0.0046
25
                                                                        0.1803 5.5448
                                                        0.0304
                   Haematopoetisch 0.0013
                               Penis 0.0000
                          Samenblase 0.0141
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                       FOETUS
                                       %Haeufigkeit
                 Entwicklung 0.0139 Gastrointenstinal 0.0139
35
                              Gehirn 0.0063
                   Haematopoetisch 0.0039
                                Haut 0.0000
                           Hepatisch 0.0000
                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0036
Nebenniere 0.0000
                               Niere 0.0124
                            Placenta 0.0061
                            Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0000
                                       NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                       %Haeufigkeit
                               Brust 0.0000
                             Brust_t 0.0000
                         Dickdarm_t 0.0000
                        Eierstock n 0.0000
55
                        Eierstock_t 0.0253
                 Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0029
                  Gastrointestinal 0.0122
                    Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0000
60
                             Hoden_n 0.0042
                             Hoden t 0.0000
                             Lunge_n 0.0000
                             Lunge_t 0.0000
                             Nerven 0.0090
Niere_t 0.0000
65
                        Ovar Uterus 0.0113
                          Prostata_n 0.0061
                       Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
"Verhaeltnisse
                                  NORMAL
                                                 TUMOR
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                 0.0136
                                                               0.0000 undef
                       B Lymphom 0.0000
5
                                                              undef undef 0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                                                 0.0000
                                                 0.0014
                            Brust 0.0000
                                                               undef undef
                                                0.0000
                        Dickdarm 0.0000
                                                               0.0000 undef
                       Duenndarm 0.0000
                                                 0.0107
                       Eierstock 0.0059
                                                 0.0048
                                                               1.2443 0.8036
10
                                                               0.3018 3.3136
                                                0.0053
              Endokrines Gewebe 0.0016
                                                 0.0030
                                                               0.1934 5.1701
                           Gehirn 0.0006
                                                               undef 0.0000
                             Haut 0.0037
                                                 0.0000
                                                              undef undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
                            Herz 0.0010
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
15
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                            Hoden 0.0080
                                                               undef 0.0000
                           Lunge 0.0019
                                                 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                                                               undef
                                                                     undef
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                            Niere 0.0000
20
                                                              undef undef
undef 0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                        Prostata 0.0038
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                       T_Lymphom 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                 0.0046
                          Uterus 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0007
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0027
                     Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000
35
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0000
                         Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0000
                                 -NORMIERTE/SUBTRAHIERTE-BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                Foetal 0.0017
Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden_n 0.0042
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0195
                          Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0010
65
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0023
                       Prostata_n 0.0182
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                                 TUMOR
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
                       B_Lymphom 0.0100
                                                               undef 0.0000
5
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                            Blase 0.0000
                                                 0.0000
                                                               2.2961 0.4355
                            Brust 0.0194
                                                 0.0084
                        Dickdarm 0.0096
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                                                               undef 0.0000
2.4887 0.4018
                        Duenndarm 0.0055
                                                 0.0000
                       Eierstock 0.0059
                                                 0.0024
10
                                                               2.4143 0.4142
              Endokrines_Gewebe 0.0128
                                                 0.0053
                                                               0.5803 1.7234
                          Gehirn 0.0041
                                                 0.0070
                       Haut 0.0037
Hepatisch 0.0000
                                                               undef 0.0000 undef undef
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
undef undef
0.6315 1.5836
15
                            Herz 0.0051
                                                 0.0000
                            Hoden 0.0000
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0058
                                                 0.0092
                                                               undef undef
1.3917 0.7186
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                0.0037
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                           Niere 0.0090
                                                 0.0000
20
                         Pankreas 0.0050
                                                 0.0000
                                                               2.6529 0.3769
                        Prostata 0.0104
                                                 0.0039
                       T_Lymphom 0.0025
                                                               0.3381 2.9576
                                                 0.0075
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                                                 0.0000
                          Uterus 0.0118
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0089
                                                 0.0000
                Haematopoetisch 0.0134
                            Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0056
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0118
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                            Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0242
                         Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                               %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0204
                          Brust t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
                     Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0093
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0065
60
                          Hoden_n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0060
65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0045
                       Prostata n 0.0182
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                      TUMOR
                                                                      Verhaeltnisse
                                       %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                          B_Lymphom 0.0025
                                                                      undef 0.0000
 5
                                                      0.0000
                                                                      0.0000 undef
                               Blase 0.0000
                                                      0.0023
                               Brust 0.0176
                                                      0.0070
                                                                      2.5048 0.3992
                                                                      1.3456 0.7432
                           Dickdarm 0.0077
                                                      0.0057
                          Duenndarm 0.0055
                                                      0.0000
                                                                      undef 0.0000
                Eierstock 0.0030
Endokrines_Gewebe 0.0032
10
                                                      0.0072
                                                                      0.4148 2.4109
                                                                      0.9054 1.1045
                                                      0.0035
                          Gehirn 0.0069
Haut 0.0037
Hepatisch 0.0000
                                                      0.0010
                                                                      6.9631 0.1436
                                                                      undef 0.0000
undef undef
                                                      0.0000
                                                      0.0000
15
                               Herz 0.0061
                                                      0.0137
                                                                      0.4430 2.2572
                                                                      undef 0.0000
                               Hoden 0.0080
                                                      0.0000
                                                                      0.7893 1.2669
                               Lunge 0.0029
                                                      0.0037
               Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                      0.0000
                                                                      undef 0.0000
                    Muskel-Skelett 0.0000
Niere 0.0134
                                                                      0.0000 undef
                                                      0.0037
                                                                      2.7855 0.3590
20
                                                      0.0048
                           Pankreas 0.0017
                                                      0.0055
                                                                      0.2992 3.3427
                                                                      3.2558 0.3071
                           Prostata 0.0085
                                                      0.0026
                                                                      undef 0.0000
undef 0.0000
                          T_Lymphom 0.0025
                                                      0.0000
                             Uterus 0.0074
                                                      0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0027
Haematopoetisch 0.0000
25
                                                      0.0000
                                                                      undef 0.0000
                               Penis 0.0054
                         Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0118
30
                                      FOETUS
                                      %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0056
35
                   Gehirn 0.0000
Haematopoetisch 0.0079
Haut 0.0000
                          Hepatisch 0.0520
                Herz-Blutgefaesse 0.0036
Lunge 0.0072
40
                         Nebenniere 0.0000
Niere 0.0062
                           Placenta 0.0000
                           Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0000
                                    --- NORMIERTE/SUBTRAHIERTE_BIBLIOTHEKEN
50
                                       %Haeufigkeit
                               Brust 0.0000
                             Brust_t 0.0000
                         Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0253
55
                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                  Foetal 0.0041
Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0097
Hoden n 0.0084
60
                             Hoden t 0.0000
                             Lunge_n 0.0000
Lunge_t 0.0000
                             Nerven 0.0070
65
                             Niere_t 0.0000
                        Ovar_Uterus 0.0203
                         Prostata_n 0.0000
                       Sinnesorgane 0.0000
70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                      NORMAL
                                                                      Verhaeltnisse
                                      %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0075 0.0000 undef 0.0000
                                                      0.0000
                          B_Lymphom 0.0075
 5
                                                                      0.0000 undef
                               Blase 0.0000
                                                      0.0047
                           Brust 0.0009
Dickdarm 0.0019
                                                                      0.6262 1.5969
                                                      0.0014
                                                                      0.6728 1.4864
                                                      0.0028
                                                                     undef undef
6.2217 0.1607
                          Duenndarm 0.0000
                                                      0.0000
                          Eierstock 0.0148
                                                      0.0024
10
                                                                      0.9054 1.1045
                 Endokrines Gewebe 0.0016
                                                      0.0018
                              Gehirn 0.0017
                                                      0.0060
                                                                      0.2901 3.4467
                          Haut 0.0037
Hepatisch 0.0000
                                                                      0.0466 21.4787
                                                      0.0789
                                                                      undef undef
undef 0.0000
                                                      0.0000
                                Herz 0.0051
                                                      0.0000
15
                                                                      1.0178 0.9825
                               Hoden 0.0120
                                                      0.0118
                                                                      1.5786 0.6335
                               Lunge 0.0029
                                                      0.0018
                                                                      undef 0.0000
undef 0.0000
undef undef
undef 0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                      0.0000
                    Muskel-Skelett 0.0017
Niere 0.0000
                                                      0.0000
20
                                                      0.0000
                           Pankreas 0.0017
                                                      0.0000
                                                      0.0026
                                                                      4.3411 0.2304
                           Prostata 0.0113
                                                                      undef 0.0000
                          T_Lymphom 0.0025
                                                      0.0000
                                                                      0.3213 3.1125
                              Uterus 0.0030
                                                      0.0092
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
Haematopoetisch 0.0040
25
                                                      0.0000
                                                                      undef 0.0000
                               Penis 0.0027
                         Samenblase 0.0070
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                      FOETUS
                                      %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0056
35
                              Gehirn 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0157
Haut 0.0000
                          Hepatisch 0.0000
40
                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                               Lunge 0.0036
                         Nebenniere 0.0000
Niere 0.0000
                            Placenta 0.0000
                           Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0000
                                      NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                      %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
Brust t 0.0000
                         Dickdarm t 0.0000
                        Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0152
55
                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                  Foetal 0.0006
Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0000
60
                             Hoden n 0.0042
                             Hoden t 0.0000
                             Lunge_n 0.0000
                             Lunge_t 0.0000
65
                              Nerven 0.0060
                             Niere_t 0.0000
                        Ovar_Uterus 0.0068
                         Prostata_n 0.0061
                       Sinnesorgane 0.0000
            Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

WO 99/46375

```
NORMAL
                                                   TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                                                                 undef 0.0000
                        B_Lymphom 0.0125
                                                  0.0000
                             Blase 0.0156
                                                  0.0094
                                                                 1.6595 0.6026
                             Brust 0.0141
                                                                 0.6262 1.5969
                                                  0.0225
                          Dickdarm 0.0172
                                                                 2.0184 0.4955
                                                  0.0085
                        Duenndarm 0.0192
                                                  0.0213
                                                                 0.9018 1.1089
10
                        Eierstock 0.0237
                                                                 0.9050 1.1050
                                                  0.0262
               Endokrines_Gewebe 0.0144
                                                  0.0160
                                                                 0.9054 1.1045
                           Gehirn 0.0197
                                                  0.0269
                                                                 0.7307 1.3686
                             Haut 0.0184
                                                                 undef 0.0000
                                                 0.0000
                        Hepatisch 0.0279
                                                                 1.4649 0.6826
                                                  0.0190
15
                             Herz 0.0203
                                                                 0.7384 1.3543
                                                  0.0275
                             Hoden 0.0040
                                                  0.0059
                                                                 0.6786 1.4737
                             Lunge 0.0175
                                                  0.0166
                                                                 1.0524 0.9502
                                                                 undef 0.0000
2.7833 0.3593
              Magen-Speiseroehre 0.0217
                                                  0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0103
                                                  0.0037
20
                            Niere 0.0112
                                                  0.0289
                                                                 0.3869 2.5849
                         Pankreas 0.0116
                                                                 2.0941 0.4775
                                                  0.0055
                         Prostata 0.0141
                                                                 3.6176 0.2764
                                                  0.0039
                        T_Lymphom 0.0025
                                                  0.0075
                                                                 0.3381 2.9576
                           Uterus 0.0148
                                                  0.0184
                                                                 0.8032 1.2450 undef 0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0068
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0040
                             Penis 0.0134
                       Samenblase 0.0070
                     Sinnesorgane 0.0235
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0167
35 ·
                           Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0157
                        Haut 0.0000
Hepatisch 0.0260
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0213
                            Lunge 0.0072
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0126
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   *Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                      Brust_t 0.0000
Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
               Eierstock_t 0.0000
Endokrines_Gewebe 0.0245
55
                           Foetal 0.0168
                Gastrointestinal 0.0122
Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0227
                          Hoden_n 0.0125
Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0261
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0068
                       Prostata n 0.0243
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                                      Verhaeltnisse
                                                       TUMOR
                                      %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0025 0.0000 undef 0.0000
 5
                          B Lymphom 0.0025
                                                       0.0000
                               Blase 0.0000
Brust 0.0035
                                                                      0.0000 undef
                                                      0.0023
                                                                      2.5048 0.3992
                                                      0.0014
                                                                      undef 0.0000 undef undef
                           Dickdarm 0.0019
                                                      0.0000
                          Duenndarm 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      0.0000 undef
10
                          Eierstock 0.0000
                                                      0.0024
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      undef undef
                             Gehirn 0.0041
Haut 0.0000
                                                                      2.0309 0.4924
                                                      0.0020
                                                                      undef undef
undef undef
                                                      0.0000
                          Hepatisch 0.0000
                                                      0.0000
                                                      0.0137
                                                                      0.0738 13.5431
                               Herz 0.0010
15
                                                                      undef undef
                               Hoden 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      undef undef
undef undef
0.9278 1.0778
                               Lunge 0.0000
                                                      0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0034
                                                      0.0000
                                                      0.0037
                                                                      undef 0.0000 undef undef
20
                               Niere 0.0022
                                                      0.0000
                           Pankreas 0.0000
                                                      0.0000
                                                                      1.4470 0.6911
                           Prostata 0.0057
                                                      0.0039
                                                                      undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                          T_Lymphom 0.0126
                                                      0.0000
          Uterus 0.0015
Weisse_Blutkoerperchen 0.0062
                                                      0.0000
25
                                                      0.0000
                   Haematopoetisch 0.0027
                               Penis 0.0000
                         Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                      FOETUS
                                       %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0056
35
                             Gehirn 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0039
                               Haut 0.0000
                         "Hepatisch 0.0000
40
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                         Lunge 0.0000
Nebenniere 0.0000
                               Niere 0.0000
                           Placenta 0.0000
                           Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0000
                                      NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                       %Haeufigkeit
                              Brust 0.0000
                            Brust_t 0.0000
                         Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
                 Endokrines_Gewebe 0.0000
                             Foetal 0.0058
                  Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0097
60
                             Hoden_n 0.0000
                             Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0098
                             Lunge_t 0.0000
                             Nerven 0.0040
65
                             Niere_t 0.0000
                        Ovar Uterus 0.0180
                         Prostata_n 0.0485
                       Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
Verhaeltnisse
                                     NORMAL
                                                    TUMOR
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                           T/N.
                         B_Lymphom 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
5
                                                                    undef undef
0.7157 1.3973
                                                    0.0000
                             Blase 0.0000
                              Brust 0.0070
                                                    0.0098
                          Dickdarm 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
                                                                    0.0000 undef
                                                    0.0320
                         Duenndarm 0.0000
                                                                    1.2443 0.8036
                         Eierstock 0.0030
                                                    0.0024
10
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                                    undef 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    0.0580 17.2337
                            Gehirn 0.0012
                                                    0.0199
                         Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
                                                                   undef 0.0000
undef 0.0000
                              Herz 0.0061
                                                    0.0000
15
                             Hoden 0.0080
Lunge 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
                                                    0.0000
                                                                    0,0000 undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                    0.0064
                   Muskel-Skelett 0.0000
Niere 0.0045
                                                                   undef undef
undef 0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0000
20
                                                                   undef undef
1.6279 0.6143
                                                    0.0000
                          Pankreas 0.0000
                         Prostata 0.0085
T_Lymphom 0.0000
Uterus 0.0103
                                                    0.0052
                                                    0.0000
                                                                    undef undef
                                                                    undef 0.0000
undef undef
                                                    0.0000
25
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                                                    0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                              Penis 0.0107
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
                Gastrointenstinal 0.0028
35
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                              Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                             Lunge 0.0036
                        Nebenniere 0.0000
Niere 0.0000
                          Placenta 0.0000
                          Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   - &Haeufigkeit
50
                              Brust 0.0136
                           Brust_t 0.0000
                        Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
                       Eierstock t 0.0152
55
                Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0029
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0000
60
                            Hoden n 0.0000
                            Hoden_t 0.0000
                            Lunge_n 0.0000
Lunge_t 0.0000
65
                            Nerven 0.0040
                       Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0180
                         Prostata n 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
NORMAL
                                                        TUMOR
                                                                        Verhaeltnisse
                                       %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0000 0.0000 undef undef
 5
                           B Lymphom 0.0000
                                                        0.0000
                                Blase 0.0000
                                                        0.0047
                                                                        0.0000 undef
                                                        0.0028
                                                                        0.6262 1.5969
                                Brust 0.0018
                                                                        2.0184 0.4955
                            Dickdarm 0.0057
                                                        0.0028
                                                                       undef undef undef undef 0.0000
                           Duenndarm 0.0000
                                                        0.0000
                           Eierstock 0.0030
                                                        0.0000
10
                                                                        1.3580 0.7364
                 Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                        0.0035
                               Gehirn 0.0000
                                                                        undef undef
                                                        0.0000
                          Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
Herz 0.0030
                                                        0.0000
                                                                        undef undef
                                                        0.0000
                                                                        undef undef
                                                                        undef 0.0000
15
                                                        0.0000
                                                        0.0000
                                                                        undef undef
undef undef
                                Hoden 0.0000
                Lunge 0.0000
Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                        0.0000
                                                                        0.0000 undef
                                                        0.0128
                                                                        undef 0.0000
undef undef
undef undef
                                                        0.0000
                    Muskel-Skelett 0.0034
                            Niere 0.0000
Pankreas 0.0000
Prostata 0.0057
                                                        0.0000
20
                                                        0.0000
                                                        0.0026
                                                                        2.1706 0.4607
                           T_Lymphom 0.0000
                                                                        undef undef
0.6426 1.5563
                                                        0.0000
                               Uterus 0.0030
                                                        0.0046
                                                        0.0000
                                                                        undef undef
25
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                                Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
Sinnesorgane 0.0000
30
                                        FOETUS
                                        %Haeufigkeit
                 Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0000
35
                              Gehirn 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                           Hepatisch 0.0000
                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
Lunge 0.0036
40
                          Nebenniere 0.0000
                                Niere 0.0062
                             Placenta 0.0000
                            Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0126
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50
                              Brust 0.0000
Brust_t 0.0000
                          Dickdarm t 0.0000
                         Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
                  Endokrines_Gewebe 0.0000
                  Foetal 0.0000
Gastrointestinal 0.0000
                    Haematopoetisch 0.0000
                         Haut-Muskel 0.0032
Hoden_n 0.0000
60
                              Hoden t 0.0000
                              Lunge_n 0.0000
                              Lunge_t 0.0000
                               Nerven 0.0030
65
                              Niere_t 0.0000
                         Ovar Uterus 0.0045
                          Prostata_n 0.0121
                        Sinnesorgane 0.0000
 70
            Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                                 TUMOR
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                       T/N
                                                                undef undef
                        B Lymphom 0.0000
                                                 0.0000
 5
                                                                undef undef
                            Blase 0.0000
                                                 0.0000
                                                                1.8786 0.5323
                            Brust 0.0026
                                                 0.0014
                                                                undef 0.0000
undef undef
undef 0.0000
                        Dickdarm 0.0038
                                                 0.0000
                        Duenndarm 0.0000
                                                 0.0000
                        Eierstock 0.0059
                                                 0.0000
10
                                                                0.4527 2.2091
                                                 0.0071
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                 0.0090
                                                                0.1289 7.7552
                           Gehirn 0.0012
                                                                undef undef
                             Haut 0.0000
                                                 0.0000
                                                                undef undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                                undef undef
undef undef
                                                 0.0000
                             Herz 0.0000
15
                            Hoden 0.0000
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0029
                                                                1.5786 0.6335
                                                 0.0018
                                                                undef undef
undef 0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                            Niere 0.0022
                                                 0.0000
20
                                                                undef undef
3.6176 0.2764
                                                 0.0000
                         Pankreas 0.0000
                         Prostata 0.0047
                                                 0.0013
                        T_Lymphom 0.0025
                                                                undef 0.0000
                                                 0.0000
                           Uterus 0.0030
                                                 0.0092
                                                                0.3213 3.1125
                                                                undef 0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0021
                                                 0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0000
35
                           Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0039
                             Haut 0.0000
                      - Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                       Lunge 0.0072
Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
                         Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0251
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
                      Eierstock_t 0.0000
 55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0041
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0032
 60
                          Hoden_n 0.0084
                          Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                           Lunge t 0.0000
                           Nerven 0.0020
 65
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0180
                       Prostata_n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                              undef 0.0000
5
                       B Lymphom 0.0025
                                                0.0000
                           Blase 0.0117
                                                0.0117
                                                              0.9957 1.0043
                                                              1.3777 0.7259
                           Brust 0.0097
                                                0.0070
                        Dickdarm 0.0077
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                              undef 0.0000
0.0000 undef
                       Duenndarm 0.0165
                                                0.0000
10
                       Eierstock 0.0000
                                                0.0048
               Endokrines_Gewebe 0.0080
                                                0.0071
                                                              1.1317 0.8836
                                                0.0080
                          Gehirn 0.0075
                                                              0.9429 1.0605
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                       Hepatisch 0.0046
                                                0.0063
                                                              0.7324 1.3653
                                                              undef 0.0000
2.0357 0.4912
15
                            Herz 0.0071
                                                0.0000
                           Hoden 0.0120
                                                0.0059
                           Lunge 0.0049
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                              1.5463 0.6467
                 Muskel-Skelett 0.0171
                                                0.0111
20
                           Niere 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                        Pankreas 0.0050
                                                              0.2992 3.3427
                                                0.0166
                        Prostata 0.0198
                                                0.0078
                                                              2.5323 0.3949
                       T_Lymphom 0.0051
                                                0.0149
                                                              0.3381 2.9576
                          Uterus 0.0163
                                                0.0046
                                                              3.5341 0.2830 -
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0123
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                Haematopoetisch 0.0053
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0141
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0139
35
               Gastrointenstinal 0.0111
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                      -Hepatisch 0.0000
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
                           Lunge 0.0145
                      Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0062
                        Placenta 0.0061
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0272
                         Brust t 0.0000
                     Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0245
                          Foetal 0.0081
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0259
                         Hoden n 0.0084
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0000
Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0020
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0090
                      Prostata_n 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
Verhaeltnisse
                                 NORMAL
                                               TUMOR
                                                             N/T T/N
undef undef
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                               0.0000
5
                       B Lymphom 0.0000
                                                             0.9957 1.0043
                           Blase 0.0117
                                               0.0117
                                                             1.5655 0.6388
                           Brust 0.0132
                                               0.0084
                                                             4.7095 0.2123
                        Dickdarm 0.0134
                                               0.0028
                                                             0.2577 3.8812
                       Duenndarm 0.0027
                                               0.0107
                                                             0.4148 2.4109
                       Eierstock 0.0030
                                               0.0072
10
              Endokrines_Gewebe 0.0032
                                               0.0106
                                                             0.3018 3.3136
                                                             2.2381 0.4468
                          Gehirn 0.0156
                                               0.0070
                            Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                                               0.0000
                      Hepatisch 0.0093
15
                            Herz 0.0122
                                               0.0000
                           Hoden 0.0080
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0117
                                               0.0037
                                                             3.1573 0.3167
                                                             undef 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                               0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0120
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                                                             0.9285 1.0770
                           Niere 0.0045
                                               0.0048
20
                                                             0.2992 3.3427
                        Pankreas 0.0033
                                               0.0110
                       Prostata 0.0207
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0025
                                                             0.3381 2.9576
                                               0.0075
                          Uterus 0.0089
                                               0.0138
                                                             0.6426 1.5563
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0055
                                               0.0607
                                                             0.0902 11.0896
25
                Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0134
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0235
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0111
                         Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0142
                           Lunge 0.0145
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0061
                        Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0126
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0101
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0098
               Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0032
60
                         Hoden_n 0.0084
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0098
                         Lunge t 0.0000
                          Nerven 0.0080
65
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0135
                      Prostata_n 0.0061
                    Sinnesorgane 0.0387
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
..Verhaeltnisse
                                    NORMAL
                                                   TUMOR
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                         T/N
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                        B_Lymphom 0.0000
5
                                                                  0.0000 undef
                             Blase 0.0000
                                                   0.0141
                                                                  0.0000 undef
                             Brust 0.0000
                                                   0.0042
                                                   0.0028
                                                                  4.0367 0.2477
                         Dickdarm 0.0115
                                                                 undef 0.0000
                         Duenndarm 0.0082
                                                   0.0000
                        Eierstock 0.0000
                                                                  0.0000 undef
                                                   0.0024
10
                                                                  0.9054 1.1045
                                                   0.0053
               Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                                  2.1276 0.4700
                           Gehirn 0.0064
                                                   0.0030
                                                                  undef undef undef 0.0000
                        Haut 0.0000
Hepatisch 0.0046
                                                   0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef 0.0000
                             Herz 0.0051
                                                   0.0000
15
                             Hoden 0.0161
                                                   0.0059
                                                                  2.7142 0.3684
                                                                  0.7893 1.2669
                             Lunge 0.0058
                                                   0.0074
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                   0.0000
                                                                  undef undef
                                                                  1.3917 0.7186
                   Muskel-Skelett 0.0051
                                                   0.0037
                                                                  undef undef
                             Niere 0.0000
                                                   0.0000
20
                                                                  0.2992 3.3427
                          Pankreas 0.0017
                                                   0.0055
                         Prostata 0.0057
                                                   0.0026
                                                                  2.1706 0.4607
                                                                  undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                        T_Lymphom 0.0000
                                                   0.0000
                            Uterus 0.0044
                                                   0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0014
                                                   0.0000
25
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0107
                     Samenblase 0.0000
Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               - Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0188
                  Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                             Lunge 0.0036
                       Nebenniere 0.0000
Niere 0.0000
                          Placenta 0.0061
                          Prostata 0.0000
45
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
50
                           Brust 0.0136
Brust_t 0.0000
                        Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0000
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0000
 60
                           Hoden_n 0.0000
                            Hoden t 0.0000
                           Lunge n 0.0195
Lunge t 0.0000
                            Nerven 0.0050
 65
                       Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0068
                        Prostata n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0000
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
 70
```

```
TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                              0.1840 5.4361
                       B Lymphom 0.0025
                                                 0.0136
 5
                            Blase 0.0039
                                                 0.0023
                                                              1.6595 0.6026
                                                0.0056
                                                              1.8786 0.5323
                            Brust 0.0106
                                                              0.6728 1.4864
                        Dickdarm 0.0096
                                                0.0142
                        Duenndarm 0.0027
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                       Eierstock 0.0030
                                                              0.6222 1.6073
                                                0.0048
10
                                                              0.0696 14.3590
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                0.0231
                          Gehirn 0.0139
                                                              3.4816 0.2872
                                                0.0040
                                                              undef undef 0.7324 1.3653
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                 0.0127
                            Herz 0.0081
                                                0.0275
                                                              0.2954 3.3858
15
                            Hoden 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                0.0118
                                                              0.8419 1.1877
                            Lunge 0.0078
                                                0.0092
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                0.0128
                                                              0.5668 1.7644
                                                              undef 0.0000
0.7737 1.2924
                                                0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0034
20
                           Niere 0.0112
                                                0.0145
                         Pankreas 0.0066
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Prostata 0.0113
                                                0.0065
                                                              1.7364 0.5759
                                                              0.6762 1.4788
                       T_Lymphom 0.0152
                                                0.0224
                                                              undef 0.0000
                          Oterus 0.0059
                                                0.0000
                                                0.0607
                                                              0.1578 6.3369
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0096
                 Haematopoetisch 0.0094
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0260
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
                           Lunge 0.0036
                      Nebenniere 0.0254
                           Niere 0.0371
                         Placenta 0.0061
                        Prostata 0.0249
45
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0068
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0101
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0156
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0194
                         Hoden_n 0.0042
                          Hoden t 0.0000
                         Lunge_n 0.0195
Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0181
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0180
                      Prostata n 0.0121
                    Sinnesorgane 0.0232
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

## 15 Beispiel 3

## Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

20

- Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4
   (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research
   4992-4999) (Contig-Bildung).
  - 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C; (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H<sub>0</sub> Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while C<sub>i</sub> > C<sub>i-1</sub>; Abbruchkriterium II).
- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

## 10 Beispiel 4

5

15

20

25

30

# Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver\_\_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de)

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

## Beispiel 5

# Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifiz	ierte BACs	
3 .	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

_	<del>- , - , 1</del>	1	1	<del></del> -						· 1	—т	<del></del> T		<del></del>
	Seq ID der Ausgangsse- quenz	* -												
·	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	1437	707	1265	1330	762	1228	914	1126	538	321	847	573	486
	EST in	202	207	215	225	231	246	243	315	219	. 210	217	210	244
	Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	D7S661	D17S2199- D17S1548	D1S2145- D1S2132	D1S3384- D1S305	D11S4205- D11S4535	D10S551- D10S532	NIB1566-WI- 4186	D1S1558- D1S232	D7S2363	D22S1144	D9S787		D12S1700- D12S1601
 	Cytogenetische Lokalisation	7q33-7q35	17p13.3	1p36.31	1921.2	11q11-q13.1	10q23.1	6p21.2	1p33-p32.3	7p21.3-7p14.1	22q12.1 - 22q13.1	9q22.1-q22 <u>.2</u>	19q13.1	12q14.1 12q14.1
	Module	LIM _			UBIQUITIN_CON- 1921.2 JUGAT_2		4omolog des TEGT- 10q23.1 Is der Ratte	L		-		8_ZIP	EMMAN	Humans Homolog
	Funktion	ZYXIN 2	Unbekannt	PCCMT	Unbekannt	Unbekannt	Humanes Ho Proteins aus	SRP20	Muf1	Unbekannt	Unbekannt	E4BP4	HUMANer PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR	Mögliches H zu S1R
abelle1	ression	2 im normalen Prostatagewebe erhöht	pun	4 im normalen Prostatagewebe erhöht	6 im normalen Prostatagewebe erhöht	7 im normalen Prostatagewebe erhöht	8 im normalen Prostatagewebe erhöht	9 im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	<u></u>	12 im normalen Prostatagewebe erhöht	13 im normalen Prostatagewebe erhöht	14 ausschließlich in der normalen Prostata	16 stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	17 verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe

Seq ID der Ausgangsse- quenz					
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	662	750	1001	280	740
EST in	215	225	229	184	237
Nachster Marker Länge des Ausgangs- Basen	D10S532	D2S433- D2S295	D9S158-	SGC32968	
iische	10q23.32 - 10q24.31	2q35	9q34.13	1p36.13-p32.3	20q11.1-q11.22
Module		<del></del>	ru JANUS-A aus s melanogaster		
Funktion	Unbekannt	Unbekannt	Homolog zu Drosophila n	Unbekannt	EIF-6
Seq Expression ID	18 ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	19 ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	21 ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechen-den	23 stärker im normalen Prostatagewebe als Im ensprechenden Tumorgewebe	24 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren

				· · · · · ·	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		<del></del>
Sed ID der Ausgangsse- quenz							-
Lange der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	975	854	802	807	777	501	1104
EST in	219	259	288	224	276	238	284
Nachster Marker Lange des   Ausgangs-	D1S2548 D1S2548	SHGC-7278- SHGC-33912	SHGC-15247- NIB715	D20S807- SHGC-11944	WI-5587-WI- 5717		WI-9590-WI- 3521
<b>6</b> 0	က္	9p21.1-9q12	11q12.1 - 11q13.5	20p11.23- p11.21	Xp11.23-p11.21		3p21.1 - 3p22.2
Module	HUMANem						
Funktion	Homolog zu H SORCIN	Unbekannt	Unbekannt	IL-6SAG	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt
Seq Expression ID	26 starker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	27 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	28 ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	29 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	30 ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	31 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	32 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren
Seq	26	27	28	29	8	34	32

	1		,					·. 1
Seq ID der Ausgangsse- quenz								
Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	810	826	. 578	799	1743	1183	768	1029
EST in	208	223	254	293	262	267	270	279
Länge Ausgal Basen							- )	
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	D2S145-SHGC- 37085	SHGC-32684- D3S4150	WI-1163	SHGC-5722- SHGC-5765	SHGC-30227- D11S1983	D6S1868-	SHGC-6119- SHGC-15371	SHGC-30259- SHGC-13493
Cytogenetische Lokalisation	2p13.1	3p23-p21.1	20p11.22 - 20q11.21	8p12	11p13-11q13.1	6p21.31-q21.2	16q12.1-22.1	17q11.2-q21.31
Module	Homolog des WW- nding protein 1 aus		HLH		serpin	n thioesterase		
Funktion	Humanes Ho domain bindii der Maus	Unbekannt	141	Unbekannt	C1 inhibitor	Acyl-protein t	Unbekannt	Unbekannt
Seq Expression	33 in normalem Prostatagewebe erhöht	35 in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	36 in normalem Prostatagewebe erhöht	37 in normalem Prostatagewebe erhöht	ž	41 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	42 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	43 ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe
Sed ⊡	ဗ	<u>ස</u>	<u> </u>	6	ကြ	4	4	4

der ngsse-								,
Seq ID der Ausgangss quenz				<b></b>		2	~	
Långe der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	736	1159	069	1186	1029	985	622	1129
EST in	237		159	250	261	261	246	239
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	SHGC-32665- SHGC-11833	IB1264-WI-6480		D1S3131- D1S2674	WI-7585-WI- 6351	D15S1241- D15S197	D4S405-SHGC- 9448	D6S1644- D6S2057
Cytogenetische Lokalisation	16923.1-924.2	19p13.3	6q13-q21	1p36.11	5q21.1-q33.2	15q23-24.1	4p14	6q16.2
Module					kazai			
Funktion	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	SPARC	Unbekannt	Unbekannt	B4-2
Seq Expression ID	44 ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehimtumor als im vergleichbaren Normalgewebe	46 in normalem Prostatagewebe erhöht	47 in normalem prostataischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	51 in normalem Prostatagewebe und in haematopoe-tischen Tumoren erhöht	52 in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	53 in normalem Prostatagewebe erhöht	54 in normalem Prostatagewebe und in Skelettumoren erhöht	55 in normalem Prostatagewebe und hepatischen Tumoren

				<u> </u>	<i></i>		<del>,</del>	,
Seq ID der Ausgangsse- quenz			:					<b>6</b>
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	877	1329	697	1389	535	1098	1860	1880
ESTIN	160	288	310	378	260	216	305	
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	SHGC-32015- D1S442	. <b>.</b>		AFMA126YD5	WI-7565-WI <del>.</del> 9200	AFMB354YF9	D11S909-	D1S3384- D1S305
Cytogenetische Lokalisation	1912	18q21.32- 18q21.32	11q21-11q23.2	17p11.2	4q21.21 - 4q21.23	16p12.3 - 16p13.11	11p15.3-p15.5	
Module		MBD2 18q21.32						UBIQUITIN_CON 1421.2 JUGAT
Funktion	Unbekannt	Methyl-CpG MBD2	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Homolog zu RanBP7	Unbekannt
Seq Expression ID	58 ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	59 ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als Im entsprechenden Tumorgewebe	60 stärker in normalem Prostatagewebe als Im entsprechenden Tumorgewebe	61 in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	62 in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	63 in normalem Prostata- , Blasen- und Brusttumoren erhöht	64 1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	217 2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimlert
Seq C	85	ဇ်င	6	19	62	63	2	217

_	· ·	<b></b>	<b>6</b>	~	<u></u>	80	6	<b>6</b>
107 01 200	Sed ID der Ausgangsse- quenz	,		. 12	- 1	18		23
	Lange der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse-Sequenz in quenz Basen	1024	2383	3210	1030	1216	2369	849
0 0 7 0 1 1 2 2	Lange des Ausgangs-EST in Basen		. *					
Almahadan Banhan	Nachster Marker Lange des Ausgangs- Basen	D11S4205- D11S4535	D10S551- D10S532	D7S2363	D12S1601 D12S1601	D10S551- D10S532	D2S433- D2S295	SGC32968
-1	Cyrogenetische Lokalisation	11q11-q13.1	10q23.1	7p21.3-7p14.1	12q13.13 - 12q14.1	10q23.32 - 10q24.31	2q35	1p36.13-p32.3
	Module		nolog des TEGT	COILS	Humans Homolog			
	Funktion	Unbekannt	Humanes Horaus der Ratte	TXBP151	88	Unbekannt	Homolog zu HYA22	Unbekannt
	Seq Expression ID	218 2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimien	219 2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	220 2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimient	221 1.7364 x im gutartigen Möglich Prostatagewebe gegenüber zu S1R dem Prostatatumor exprimiert	222 2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	223 0.8348 x im gutartigen Homole Prostatagewebe gegenüber HYA22 dem Prostatatumor exprimiert	224 1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert
	<u>გ</u> ⊡	2	2	22	22	72	12	12

	ဖ	<b>I</b>	<u>o</u>	0	4-	10	lo l	32
Seq ID der Ausgangsse- quenz	. 26	27		08	31	32	33	
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse-Sequenz in quenz Basen	1502	1892	1522	2016	765	1611	1473	2503
r Länge des Ausgangs-EST in Basen		GC-33912	2-11944	·				384150
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	D1S233-	SHGC-7278-SHGC-33912	D20S807-SHGC-11944	WI-5587-WI- 5717		Wi-9590-Wi- 3521	37085 37085	SHGC-32684-D3S4150
m	1p36.11-p34.3	9p21.1-9q12	20p11.23- p11.21	Xp11.23-p11.21		3p21.1 - 3p22.2	2p13.1	3p23-p21.1
Module	Homolog zu EF_HAND_2 HUMAN6m SORCIN			·			Homolog des WW- nding protein 1 aus	u der SCHARYL RASE STT3 It aus C. elegans
Funktion	Homolog zu HUMANem SORCIN	Unbekannt	IL-6SAG	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Humanes Ho domain bind der Maus	Homolog z OLIGOSA( TRANSFEI Untereinhe
Seq Expression ID	225 8.6822 x im gutartigen Homolog zu Prostatagewebe gegenüber HUMANem dem Prostatatumor SORCIN exprimiert	226 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	72.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	228 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	229 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	230 1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	2312.6529 x im gutartigen Humanes Prostatagewebe gegenüber domain bir dem Prostatatumor der Maus exprimiert	232 3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert
Seq	225	226	227	228	228	230	231	232

		01 1	<del></del>	**	<u> </u>	<u> </u>	<del>-</del>
							51
1756	1286	1230	2328	1767	2311	177	2409
765		5371	.13493	-11833			·
<u> sнас-5722-sнас-5</u>	<b>J6S1868-D6S1867</b>	SHGC-6119-SHGC-1	SHGC-30259-SHGC	SHGC-32665-SHGC	IB1264-WI-6480		D1S3131-D1S2674
8p12	6p21.31-q21.2	16q12.1-22.1	17q11.2-q21.31	16q23.1-q24.2	19p13.3	6q13-q21	1p36.11
·	hioesterase					Α	
Unbekannt	Acyl-protein	Unbekannt	Stat5b	Unbekannt	Unbekannt	SDP3	Unbekannt
über	nor	5 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	über	7 3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	8 4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	39 3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	240 1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert
23.	8	23	23		23	12	2
	gen Unbekannt genüber	Unbekannt         8p12         SHGC-5722-SHGC-5765         1756           Über         Acyl-protein thioesterase         6p21.31-q21.2         D6S1868-D6S1867         1286	Unbekannt   8p12   SHGC-5722-SHGC-5765   1756	Unbekannt   8p12   SHGC-5722-SHGC-5765   1756	Unbekannt         8p12         SHGC-5722-SHGC-5765         1756           Mor         Acyl-protein thioesterase         6p21.31-q21.2         D6S1868-D6S1867         1286           mor         Unbekannt         16q12.1-22.1         SHGC-6119-SHGC-15371         1230           stat5b         17q11.2-q21.31         SHGC-30259-SHGC-13493         2328           ubekannt         16q23.1-q24.2         SHGC-32665-SHGC-11833         1767	Unbekannt   8p12   SHGC-5722-SHGC-5765   1756   31	Unbekannt   8p12   SHGC-5722-SHGC-5765   1756   1

Seq ⊡	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	Seq ID der Ausgangsse- quenz
241	241 1.6279 x Im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	. 53
242	242 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimient	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	
243	243 3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1912	SHGC-32015-D1S442		1206	
244	244 2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	·	17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
24	245 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	Wi-7565-WI-9200		2903	62
24	246 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
24.	247 1.7364 x im gutartigen Homolog Prostatagewebe gegenüber RanBP7 dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

DNA-Sequenz . ID No.		•	ORF S	Sequer	nz ID N	<u>o</u>	٠,	
•		,	•					
2	66	60	60	70				
3	67	68	69	70				
4	71							
6	. 73	•					٠.	
7	74 75				·			
8	75 82							
9	-83							
10 12	90							
14	91					•		
16	92							
17	93							
18	97	98	99	-100	101	. 1		•
19	102	103	104	105				
21	109	•						
23	111	112	113					
24	114							
26	116							
27	117	118	119					
28	120	121	122	123	124			
29	128							
30	129	130	131					
31	132							
32	133							
33	134	135	136	137				
35	139	140	141	142	143	144	145	146
36	147	148	149				•	
39	152		450	453				
41	154	155	156	157				
42	158	159	160	161		•		
43	162	163	164					
44	165	169	170	171	172			
46 47	168 173	109	170	17 1	112			
51		184	185	186	187			
52			190			193		
54	194	. 105	.50					
55	195							
58	201					. ,		
59		203	204	205	206			
60	207		209					
61	210							
62		215	216					
217	248		,					
218		250			•			
219	251							
220	252							
221	253							

DNA-Sequenz ID No.	ORF Sequen	<u>12</u>						
<u>:::</u>			•					
222	254	255						
223	256							
224	257							
225	258							
226	259	260						
227	261	262		•		,		
228	263							
229	. 264	265					•	
230	266							
231	267	268						
232	269		•					
233		271						
234		273						
235	274	275						
236	276	<b>277</b> .						
237	278	279						
238	280	281						
239	282							
240	283	284						
241	285	286						
242	287	288						
243	289	290		-	 -			
244	291	292						
245	293				1			
246	294							
247	295							

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

# Sequenzprotokoli

5	(1) ALLGEMEINE INFORMATION:
10	(i) ANMELDER:  (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  (B) STRASSE: Ihnestrasse 63  (C) STADT: Berlin  (E) LAND: Deutschland  (F) POST CODE (ZIP): D-14195  (G) TELEFON: (030)-8413 1672  (H) TELEFAX: (030)-8413 1671
15	
	(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatagewebe
20	(iii) Anzahl der Sequenzen: 216
25	<ul> <li>(iv) COMPUTER READABLE FORM:</li> <li>(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk</li> <li>(B) COMPUTER: IBM PC compatible</li> <li>(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS</li> <li>(D) SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25 (EPO)</li> </ul>
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:
35	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1437 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
40	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
	(iii) ANTI-SENSE: NEIN
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:

5

35

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

	CTCCTTGGAA	GTCCCCTTCC	AGCTCCCAGC	CTCTGCCCCA	GGTTCCGGCT	CCGGCTCAGA	60
	GCCAGACACA	GTTCCATGTT	CAGCCCCAGC	CCCAGCCCAA	GCCTCAGGTC	CAACTCCATG 1	20
	TCCAGTCCCA	GACCCAGCCT	GTGTCTTTGG	CTAACACCCA	GCCCCGAGGG	CCCCCAGCCT 1	80
10	CATCTCCGGC	TCCAGCCCCT	<b>AAGTTTTCTC</b>	CAGTGACTCC	TAAGTTTACT	CCTGTGGCTT 2	40
	CCAAGTTCAG	TCCTGGAGCC	CCAGGTGGAT	CTGGGTCACA	ACCAAATCAA	AAATTGGGGC 3	00
	ACCCCGAAGC	TCTTTCTGCT	GGCACAGGCT	CCCCTCAACC	TCCCAGCTTC	ACCTATGCCC 3	60
	AGCAGAGGGA	GAAGCCCCGA	GTGCAGGAGA	AGCAGCACCC	CGTGCCCCCA	CCGGCTCAGA 4	20
	ACCAAAACCA	GGTGCGCTCC	CCTGGGGCCC	CAGGGCCCCT	GACTCTGAAG	GAGGTGGAGG 4	80
15 .	AGCTGGAGCA	GCTGACCCAG	CAGCTAATGC	AGGACATGGA	GCATCCTCAG	AGGCAGAATG 5	40
	TGGCTGTCAA	CGAACTCTGC	GGCCGATGCC	ATCAACCCCT	GCCCGGGCG	-	00
	CCGCGCTCTA	GGGCAGCTGT	TCCACATCGC	CTGCTTCACC	TGCCACCAGT	GTGCGCAGAG 6	60
	CTCCAGGGCC	<b>AGCAGTTCTA</b>	CAGTCTGGAG	GGGGCGCCGT	ACTGCGAGGG	CTGTTACACT 7	20
	GACACCCTGG	AGAAGTGTAA	CACCTGCGGG	GAGCCCATCA	CTGACCGCAT	GCTGAGGGCC 7	80
20	ACGGGCAAGG	CCTATCACCC	GCACTGCTTC	ACCTGTGTGG	TCTGCGCCCG	CCCCCTGGAG 8	40
	GGCACCTCCT	TCATCGTGGA	CCAGGCCAAC	CGGCCCCACT	GTGTCCCCGA	CTACCACAAG 9	00
	CAGTACGCCC	CGAGGTGCTC	CGTCTGCTCT	GAGCCCATCA	TGCCTGAGCC	TGGCCGAGAT 9	60
	GAGACTGTGC	GAGTGGTCGC	CCTGGACAAG	AACTTCCACA	TGAAGTGTTA	CAAGTGTGAG10	20
	GACTGCGGGA	AGCCCCTGTC	GATTGAGGCA	GATGACAATG	GCTGCTTCCC	CCTGGACGGT10	80
25	CACGTGCTCT	GTCGGAAGTG	CCACACTGCT	AGAGCCCAGA	CCTGAGTGAG	GACAGGCCCT11	
	CTTCAGACCG	CAGTCCATGC	CCCATTGTGG	ACCACCCACA	CTGAGACCAC	CTGCCCCCAC12	
	CTCAGTTATT	GTTTTGATGT	CTAGCCCCTC	CCATTTCCAA	CCCCTCCCTA		
	TGCCCTGACC	CAGGACCCAA	CATGGTCTAG	GGATGCAGGA	TCCCCGCCCT	GGGGTCTGGT13	
	CCTCGCCCAT	CCTGCAGGGA			ACCCCACCTG	AGGGGGGCAC13	
30	AAGGTTTAGT	GCTGCTGCTT	TCACTGCTGC	ACCCGCGCCC	TCGGCCGGCC	CCCCGAG 14	37

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:707 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel --
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTTCC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
•	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCCTTG	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGGCG	CCGTCTACCT.	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
	TGGGGCCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTCAGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCTCC	AAAGATTTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTCGGTG	GCCCCTCCA	AGGCCCGCGA	GTACTCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCACC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCCCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GACTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTGAAAAAA	AAAAAA		707

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN --

20

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	СИСТЕССИТС	CCCATACACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAACA	CGTCAANGTT	60
	TOTO GOODIO	CATCTCCCAC	CCACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	TITATACICA	CAMMMCCMMA	ATTCTCCCAG	ATACCTAAAA	TGTATGTTCA	GAAAAGCATT	180
	AATGGGCAGA	CALLIGGIA	CUMPUMUCUP	CATTTCATC	СТТАВТСВВТ	TTTTTCATTG	240
45	TTATCAACTC	AGAAATATGA	CITATITUTA	MMC A MMC C MM	TCANAACCAG	ACAGACGGCC	300
	TTATATATAC	CAAAGAGGCT	TACGGGTTCA	TIGATIGGII	ACCA TOTTCCT	ACTOATTOA	360
	GTGAGCCACC	ACGCCCAGCC	AAGATGAACT	CCTTAAGGAC	MOGATITOGI	AAGTGATTGA	420
	CTTCTTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTTA	GCAGTGGCAG	400
	GGCCCGTGGA	GAATCAGGTT	AATGAGGTAA	AGGCTTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	400
50	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAACTG	TCAAGAGATT	TATTTTTCCA	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAATAGG	TACTGTCAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	САТАСАСТСА	AGCCTTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
•	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720

	CTTCACGAGC	TGCTCCTTGA	GCCTAAAAAG	TAGGCTTTAT	TCATCCCTTC	TGTTCATTTA 780
	CCAACCTGGG	GGATTGATAC	GACCGGGGAA	<b>AATGTTCCTA</b>	AACCAGGAAG	CTGCGTTAGC 840
	GAATCAGCTT	TGGTAAGATC	TCGCCAACAG	CTAGCTGCTT	AGGAGTACCC	CCACGATACG 900
						TGGGCTTGCC 960
5						CCTCTGTCAT1020
	GCTGGGAAGT	GCCTACTCTC	TGGGCCACTG	CTGCAGAGGC	CGTGGCACTT	GTCATGGGTT1080
•						AGGAACTGAA1140
						ATTCAAAATT1200
	TGGAATTTCC	TTTCACAGAT	ACTGATAATC	CTTTCCAGTT	CTTAAATAAA	AACTGCACTT1260
10	GGATT	•			•	1265

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25. (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

	CTTGGAGAGG	CTGGTGGACA	TAAAGAAAGG	GAATACTCTG	CTATTGCAGC	ATCTGAAGAG	60
					CATCCAGATG		
	GGATCAACCC	TTGCCAGCAG	AGCAGTGCAC	ACAGGAAGAC	GTGTCTTCAG	AAGATGAAGA	180
40					GAAATGAAAG		
	AGCTGAGGGC	<b>AAGAAATCTG</b>	<b>AAGATGATGG</b>	CATTGGAAAA	GAAAACTTGG	CCATCCTAGA	300
	GAAAATTAAA	AAGAACCAGA	<b>GGCAAGATTA</b>	CTTAAATGGT	GCAGTGTCTG	GCTCGGTGCA	360
	GGCCACTGAC	CGGCTGATGA	AGGAGCTCAG	GGATATATAC	CGATCACAGA	GTTTCAAAGG	420
	CGGAAACTAT	GCAGTCGAAC	TCGTGAATGA	CAGTCTGTAT	GATTGGAATG	TCAAACTCCT	480
45	CAAAGTTGAC	CAGGACAGCG	CTTTGCACAA	CGATCTCCAG	ATCCTCAAAG	AGAAAGAAGG	540
	AGCCGACTTC	ATTCTACTTA	ACTTTTCCTT	TAAAGATAAC	TTTCCCTTTG	ACCCACCATT	600
	TGTCAGGGTT	GTGTCTCCAG	TCCTCTCTGG	AGGGTATGTT	CTGGGCGGAG	GGGCCATCTG	660
	CATGGAACTT	CTCACCAAAC	AGGGCTGGAG	CAGTGCCTAC	TCCATAGAGT	CAGTGATCAT	720
	GCAGATCAGT	GCCACACTGG	TGAAGGGGAA	AGCACGAGTG	CAGTTTGGAG	CCAACAAATC	780
50	TCAATACAGT	CTGACAAGAG	CACAGCAGTC	CTACAAGTCC	TTGGTGCAGA	TCCACGAAAA	840
	AAACGGCTGG	TACACACCCC	CAAAAGAAGA	CGGCTAACCC	TGGAGTATCA	CCCTTCCTCC	900
	CTCCCCAGGC	ACCACTGGAC	CAATTACCTT	TGAATGCTGT	ATTTGGATCT	CACGCTGCCT	960
	CTGTGGTTCC	CTCCCTCATT	TTTCCTGGAC	GTGATAGCTC	TGCCTATTGC	AGGACAATGA	1020.

5	TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC1080 TGACTTACAG_ACCAACCAAC_CACCTTGCTG GAACCCTTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA1140 GAAACTTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC1200 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG1260 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAC AATTACAGTT1320 TGTTAATTTG
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:
10	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  (A) LÄNGE:762 Basenpaare  (B) TYP: Nukleinsäure  (C) STRANG: einzel  (D) TOPOLOGIE: linear
<sub>.</sub> 15	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
20	(iii) ANTI-SENSE: NEIN
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
<b>30</b> .	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:
35	GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCCTCTGG TGTCAGAGGCG GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT GCAGCGGTTC AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 400
	CAGCOGIIC AAGGCIGIGI CIGCCAAGAG CAAGGAAAGAC CICCICICCO MCCGCIICA

TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA

GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT

TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA

GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT

GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT

480

540

600

660

720

762

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACC AA

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1228 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel

WO 99/46375

40

45

(D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs 5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN (vi) HERKUNFT: 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8: GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60 20 TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120 GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180 GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240 TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300 GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360 AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420 AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480 GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACTT 540 TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600 TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTCAC TGAGTAACTA 660 30 AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720 ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780 TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840 ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900 CTGTTCATCC\_TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960 35 CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020 CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT ACAAAAGGAA ATAACTTTAA1080 AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTTCC AGAATACAAA1140 CAGTATACTC ATGAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTTGCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200 TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 50 hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 5 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

				•			
15	GGCGGTGGTC	CGCCATTTCG	TGGACGCCGG	GTGAGTGAGA	GAGTTGGTTG	GTGTTGGGCC	60
	GGAGGAAAGC	GGGAAGACTC	ATCGGAGCGT	GTGGATTŢGA	GCCGCCGCAT	TTTTTAACCC	120
	TAGATCTCGA	AATGCATCGT	GATTCCTGTC	CATTGGACTG	TAAGGTTTAT	GTAGGCAATC	180
	TTGGAAACAA	TGGCAACAAG	ACGGAATTGG	AACGGGCTTT	TGGCTACTAT	GGACCACTCC	240
	 GAAGTGTGTG-	GGTTGCTAGA	<b>AACCCACCCG</b>	GCTTTGCTTT	TGTTGAATTT	GAAGATCCCC	300
20	GAGATGCAGC	TGATGCAGTC	CGAGAGCTAG	ATGGAAGAAC	ACTATGTGGC	TGCCGTGTAA	360
	GAGTGGAACT	GTCGAATGGT	GAAAAAAGAA	GTAGAAATCG	TGGCCCACCT	CCCTCTTGGG	420
	GTCGTCGCCC	TCGAGATGAT	TATCGTAGGA	GGAGTCCTCC	ACCTCGTCGC	AGATCTCCAA	480
	GAAGGAGAAG	CTTCTCTCGC	AGCCGGAGCA	GGTCCCTTTC	TAGAGATAGG	AGAAGAGA	540
	GATCGCTGTC	TCGGGAGAGA	AATCACAAGC	CGTCCCGATC	CTTCTCTAGG	TCTCGTAGTC	600
25	GATCTAGGTC-	-AAATGAAAGG	AAATAGAAGA	CAGTTTGCAA	GAGAAGTGGT	GTACAGGAAA	660
	TTACTTCATT	TGACAGGAGT	<b>ATGTACAGAA</b>	AATTCAAGTT	TTGTTTGAGA	CTTCATAAGC	720
	TTGGTGCATT	TTTAAGATGT	TTTAGCTGTT	CAAATCTGTT	TGTCTCTTGA	AACAGTGACA	780
	CAAAGGTGTA	ATTCTCTATG	GTTTGAAATG	GATCATACGA	GGCATGTAAT	ACCAAGAATT	840
	GTTACTTTAC	AATGTTCCCT	TAAGCCAAAA	TTGAATTTGC	TTTGAACTTT	TAGTTATGCA	900
30	CAGACTGATA	ATAA					914

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1126 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

PCT/DE99/00722

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA 60 CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120 TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180 CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCCTCTCT 240 ATTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300 10 CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAACT GCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360 GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420 TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480 TGTTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540 GAATCTCGCT GACTGTCAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600 15 GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTC TGCCTGAGAT 660 GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720 GGGGAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCCTCTCT 780 CTGTCAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTCGCCAA 840 GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTCC AAAACTGGCT 900 20 GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960 GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTCGCAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG1020 GGGCCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG1080 CTGCCCAGAA CCCCAACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTTC TGTGAC 1126 25

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:538 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120
AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180

5	TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTG TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGC	240 300 360 420 480 538
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:	
10	<ul> <li>(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:</li> <li>(A) LÄNGE:321 Basenpaare</li> <li>(B) TYP: Nukleinsäure</li> <li>(C) STRANG: einzel</li> <li>(D) TOPOLOGIE: linear</li> </ul>	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung	
	hergestellte partielle cDNAs	•
20	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
20	(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
25	(vi) HERKUNFT:(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
_		
	(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	ı.
30		
30	(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	60 120 180 240 300 321
	(XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:  CCCTACAACT GGTTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTCACCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG TCTCCACACC CAGGAGAGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG	120 180 240 300
35	(XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:  CCCTACAACT GGTTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG GTGAGGATCT CAGGAGGTG CATTCACCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG TCTCCACACC CAGGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG ACCCATTGAT AGGGAAGAAG	120 180 240 300
35	(A) BIBLIOTHEK: cDNA library  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:  CCCTACAACT GGTTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTCACCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG TCTCCACACC CAGGAGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG ACCCATTGAT AGGGAAGAAG G  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  (A) LÄNGE:847 Basenpaare  (B) TYP: Nukleinsäure  (C) STRANG: einzel	120 180 240 300

(iii)	ANT	T-SEN	NSE:	NEIN
-------	-----	-------	------	------

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

	AGACAAATCT	TCTGCATGTC	GGAGGAACGG	GAATTATTCT	GATGAAAAGA	AAGATGCTAT	60
15	GTATTGGGAA	AAAAGGCGGA	AAAATAATGA	AGCTGCCAAA	AGATCTCGTG	AGAAGCGTCG	120
					GGAGAAGAAA		180
	AAAAGCTGAG	CTGCTTTCAC	TAAAATTAAA	GTTTGGTTTA	ATTAGCTCCA	CAGCATATGC	240
	TCAAGAGATT	CAGAAACTCA	GTAATTCTAC	AGCTGTGTAC	TTTCAAGATT	ACCAGACTTC	300
	_CAAATCCAAT_	GTGAGTTCAT	TTGTGGACGA	GCACGAACCC	TCGATGGTGT	CAAGTAGTTG	360
20	TATTTCTGTC	ATTAAACACT	CTCCACAAAG	CTCGCTGTCC	GATGTTTCAG	AAGTGTCCTC	420
	AGTAGAACAC	ACGCAGGAGA	GCTCTGTGCA	GGGAAGCTGC	AGAAGTCCTG	AAAACAAGTT	480
	CCAGATTATC	AAGCAAGAGC	CGATGGAATT	AGAGAGCTAC	ACAAGGGAGC	CAAGAGATGA	540
					GGGAATTCTT		600
	CTCACACTCT	CCCCCACTAC	TGCAAGTCAA	CCGATCCTCC	AGCAACTCCC	CGAGAACGTC	660
25	GGAAACTGAT	GATGGTGTGG	TAGGAAAGTC	ATCTGATGGA	GAAGACGAGC	AACAGGTCCC	720
•	CAAGGGCCCC	ATCCATTCTC	CAGTTGAACT	CAAGCATGTG	CATGCAACTG	TGGTTAAAGT	780
	TCCAGAAGTG	AATTCCTCTG	CCTTGCCACA	CAAGCTCCGG	ATCAAAGCCA	AAGCCATGCA	840
	GATCAAA						847

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:573 Basenpaare \_\_\_
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - -(D)-TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

45

50

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

WILCOL	JENZ-BESCH	AREIRI ING.	SEO ID	NO: 16:
IXII SEQU	ノニバム-ロにろして	INEIDUING.	SEK ID	140. 10.

	GGAGGCTGCT	GGGGGCGCG	CGTCCAGCTC	TGGGCCAGGG	GGTCCAAAGT	GCTCAGCCCC	. 60
5						ATTGGGGACA.	120
-					TCCTCACCAT		180
	GAAAGTCCAA	AGGAACACGA	CCCGTTCACT	TACGACTACC	AGTCCCTGCA	GATCGGAGGC	240
	CTCGTCATCG	CCGGGATCCT	CTTCATCCTG	GGCATCCTCA	TCGTGCTGAG	CAGAAGATGC	300
	CGGTGCAAGT	TCAACCAGCA	GCAGAGGACT	GGGGAACCCG	ATGAAGAGGA	GGGAACTTTC	360
10	CGCAGCTCCA	TCCGCCGTCT	GTCCACCCGC	AGGCGGTAGA	AACACCTGGA	GCGATGGAAT	420
	CCGGCCAGGA	CTCCCCTGGC	ACCTGACATC	TCCCACGCTC	CACCTGCGCG	CCCACGGGCC	480
	CCTCCGCCGC	CCCTTCCCCA	GCCCTGCCCC	CGCAGACTCC	CCCTGCCGCC	AAGACTTCCA	540
	ATAAAACGTG	CGTTCCTCTC	GACAAAAAA	AAA			573

# 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:486 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:

20

25

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA-library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40	GCCGCACGGC	TTGCTGGGGC	TGGGCTCTTC	CTCGCGGAAG	TGGGGAGGAG	GCGGTTGCGG	60
	TTAGTGGACC	GGGACCGGTA	GGGGTGCTGT	TGCCATCATG	GCTGACCCCG	ACCCCCGGTA	120
	CCCTCGCTCC	TCGATCGAGG	ACGACTTCAA	CTATGGCAGC	AGCGTGGCCT	CCGCCACCGT	180
	GCACATCCGA	ATGGCCTTTC	TGAGAAAAGT	CTACAGCATT	CTTTCTCTGC	AGGTTCTCTT	240
	AACTACAGTG	ACTTCAACAG	TTTTTTTATA	CTTTGAGTCT	GTACGGACAT	TTGTACATGA	300
45	GAGTCCTGCC	TTAATTTTGC	TGTTTGCCCT	CGGATCTCTG	GGTTTGATTT	TTGCGTTGAC	360
	TTTAAACAGA	CATAAGTATC	CCCTTAACCT	GTACCTACTT	TTTGGATTTA	CGCTGTTGGA	420
	AGCTCTGACT	GTGGCAGTTG	TTGTTACTTC	TATGATGTAT	<b>ATATTATCTG</b>	CAAGCTTTCA	480
	TACTGA						486

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:662 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

.5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

	CTTTTTTCCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
	TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
25	CTTGTTTCTC	CTCTTGTTTT	CCTTTTGGGC	<b>AGTTTGATCA</b>	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
	CTTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTTGTTT	TTTTAAATTT	TTTTAAACCA	AGAATGATTT	240
	CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
	GCTTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
	AAAGGGGAAA	AGGAACTTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
30	ATAAAAAAACA	<b>ATAGCACAGC</b>	CCTTGTTGAG	GTCAGCAGGG	AGGAGGGCT	GCCCGGAGTT	480
	GGGTCCTTGC	CTGGATTTTG	ACACAGCAAC	TTCCTGTAGT	GAGCACTTTG	TATGAATCGT	540
	GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATTT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAAA	600
	ATCCAACCTT	CTAATAAACA	TGATGGCGCA	GTCCCAAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
	GG	**					662

35

40

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:750 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

10	ATAGATTTTG	AGGGGAAGGA	GAGAGGGAAG	GGTCAGGGTA	GAGACACCCC	TCCCTTGCCC	60
	CTTTCCTGGG	CCCAGAAGTT	GGGGGGAGGG	AGGGAAAGGA	TTTTTACATT	TTTTAAACTG	120
					CCCTGTCCTC		180
					GAGCACCTTC		240
					TACGCCAGCT		300
15					GGAGGTGGGA		360
					TCCCCTGTGC		420
					CTCCCAGGAT		480
	CCAACTGTTT	CTGAAGCCCC	TCCTCCTAAC	ATGGCGATTC	CGGAGGTCAA	GGCCTTGGGC	540
	TCTCCCCAGG	GTCTAACGGT	TAAGGGGACC	CACATACCAG	TGCCAAGGGG	GATGTCAAGT	600
20	GGTGÄTGTCG	TTGTGCTCCC	CTCCCCCAGA	GCGGGTGGGC	GGGGGTGAA	TATGGTTGGC	660
	CTGCATCAGG	TGGCCTTCCC	ATTTAAGTGC	CTTCTCTGTG	ACTGAGAGCC	CTAGTGTGAT	720
		GAGAAAGCCA			•		750

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1001 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

50	GGGGGAGAGA	GGGAGGCCTT	TGGGCGGTGG	GGGCCACGGG	GAGGGTGGTC	CTCGGACTAC	60
	GTGCGGGACA	GGAGGTCAGG	GCTGGCAAGT	CCCTCAGGCC	TCCCTCGTTG	CCCCAGCCTC	120
50	GCGGGCCGCC	TAACTGCCCC	GTTCCAAGGG	TGCCACCGGA	CCCCGCTGGA	GAGGAACTTC	180
	TCCGTTGGCT	GATTTCATCA	CCACCCATTC	CCGATTCCAC	GTTTCCTTTA	AGCGGGGCTG	240

	GCGGAGCGCA	AGGGGGCAAG	GAACTGGATT	GCGATTGGTC	AGCACGTGCC	TCGGTCGGCG	300	
	GTACAATTGG	CTGAGGCGCT	GGGCCTTGGG	AAGCATTCCC	CGACGGGATT	GGTCGTCGCT	360	
	CTCGCAGAGC	CCGCCTCCCG	CAGTACAAGC	GGCCCCCGGG	TGGGGGGGGA	GGAGGGGACT	420	
	CCGGGAGGAG	GAACATGGCG	GTGGCGGACC	TCGCTCTCAT	TCCTGATGTG	GACATCGACT	480	
5	CCGACGGCGT	CTTCAAGTAT	GTGCTGATCC	GAGTCCACTC	GGCTCCCCGC	TCCGGGGCTC	540	
	CGGCTGCAGA	GAGCAAGGAG	ATCGTGCGCG	GCTACAAGTG	GGCTGAGTAC	CATGCGGACA	600	
•	TCTACGACAA	AGTGTCGGGC	GACATGCAGA	AGCAAGGCTG	CGACTGTGAG	TGTCTGGGCG	660	
	GCGGGCGCAT	CTCCCACCAG	AGTCAGGACA	AGAAGATTCA	CGTGTACGGC	TATTCCATGG	720	
	CCTATGGTCC	TGCCCAGCAC	GCCATTTCAA	CTGAGAAAAT	CAAAGCCAAG	TACCCCGACT	780	
10			GACGGCTACT					
	CAGCAGCCAC	TTCAGAGCCC	CCGCCTTTGC	CTGCACTCCT	CTTGCAGGGC	TGGCCCTGCC	900	
	TGCTCCTGCG	GCAGCCTCTG	GTGACGTGCT	GTCCACCAGG	CCTTGGAGAC	AGGCTAGCCT	960	
	GGCCACAGAA	TTAAACGTGT	TGCCACACCT	GCCGGCTTCT	G	:	1001	

### 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:580 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:

20

**25** .

35

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40	CGAAACGTGC	GCAGGCGCCG	GCCGCTGCGC	TGCAGATGGC	GGAAATGGAT	CCGGTAGCCG	60
	AGTTCCCCCA	GCCTCCCGGT	GCTGCGCGCT	GGGCTGAGGC	CCTTCTGCGA	TGTTTTACCT	120
	GGCTGCGGCT	GTGTCAGATT	TCTATGTTCC	TGTCTCTGAA	ATGCCTGAAC	ACAAGATCCA	180
	GTCATCTGGG	GGCCCACTGC	AGATAACAAT	GAAGATGGTG	CCAAAACTGC	TTTCTCCTTT	240
	GGTTAAAGAT	TGGGCTCCCA	<b>AAGCATTTAT</b>	AATTTCCTTT	AAGTTGGAGA	CTGACCCCGC	300
45	CATTGTAATT	AATCGAGCTC	GGAAGGCTTT	GGAAATTTAT	CAGCATCAAG	TGGTGGTGGC	360
	TAATATCCTT	GAGTCACGAC	AGTCCTTTGT	GTTTATTGTA	ACCAAAGACT	CGGAAACCAA	420
	GTTATTGCTA	TCAGAGGAAG	AAATAGAAAA	AGGCGTAGAG	ATAGAAGAGA	AGATAGTGGA	480
•	TAATCTTCAG	TCTCGACACA	CAGCTTTTAT	AGGTGACAGA	AACTGAAGTA	AAAAGCCCTT	540
	ATAGGATCAA	<b>AAATTGTTCA</b>	GGGCTCTTAG	AGATGGTGAA			580

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:740 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

				•			
	GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAAACG	60
	GAAACCTTTT	TAGGGAGTCC	<b>AAGGTACAGT</b>	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
25	GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTCGAG	AACAACTGTG	AGATCGGCTG'	CTTTGCCAAG	180
25	CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
	GAGGGCGAGC	TCTCCGATAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATCGCCGG	CTGCCGCATC	300
	ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
•	CACCACCTCC	AACACATTCG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
30	CACCCCCTCT	CACCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
30	CCACACTURC	ACAGGGAGAC	ACAACAAATT	CTGCCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
	CCAGACTIGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAAII	CIGGCHOMIO	10010111011	CLAMORCOCA	600
	AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	•••
	GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTTCAAGTC	660
	CCTTGTTGCG	GGGATGTGAA	CGAAGCATTA	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
							740
35	TTCGTGCCTG	AAACCACCAG					. 10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:975 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

10							
	ATGGGCTACA	ACCTGAGCCC	CCAGTTCACC	CAGCTTCTGG	TCTCCCGCTA	CTGCCCACGC	60
	TCTGCCAATC	CTGCCATGCA	GCTTGACCGC	TTCATCCAGG	TGTGCACCCA	GCTGCAGGTG	120
	CTGACAGAGG	CCTTCCGGGA	GAAGGACACA	GCTGTACAAG	GCAACATCCG	GCTCAGCTTC	180
	GAGGACTTCG	TCACCATGAC	AGCTTCTCGG	ATGCTATGAC	CCAACCATCT	GTGGAGAGTG	240
15	GAGTGCACCA	GGGACCTTTC	CTGGCTTCTT	AGAGTGAGAG	AAGTATGTGG	ACATCTCTTC	300
	TTTTCCTGTC	CCTCTAGAAG	AACATTCTCC	CTTGCTTGAT	GCAACACTGT	TCCAAAAGAG	360
	GGTGGAGAGT	CCTGCATCAT	AGCCACCAAA	TAGTGAGGAC	CGGGGCTGAG	GCCACACAGA	420
	TAGGGGCCTG	ATGGAGGAGA	GGATAGAAGT	TGAATGTCCT	GATGGCCATG	AGCAGTTGAG	480
		TGGCACCAGG					540
20		ATGCCAGTGG					600
		CATCCTGTCA					660
	GAGAGAGATC	TGTCTATGGG	ACCAGTGGCT	TGGATTCTGC	CACACCCATA	AATCCTTGTG	720
	TGTTAACTTC.	TAGCTGCCTG	GGGCTGGCCC	TGCTCAGACA	AATCTGCTCC	CTGGGCATCT	780
	TTGGCCAGGC	TTCTGCCCTC	TGCAGCTGGG	ACCCCTCACT	TGCCTGCCAT	GCTCTGCTCG	840
25 ·		CCAGGAGACA					900
	TTTTTTTCAT	TTGGGGCCAA	AAGTCCAGTG	AAATTGTAAG	CTTCAATAAA	AGGATGAAAC	960
	TCTGGAAAAA	AAAAA					975

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:854 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

45

30

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

		1 01 CCMCMMC	mc3.cc3.ccmc	N CCCPPCCCA	CACTGAGCAA	СТСТСТСССТ	60
					CAGTGAGCAA		
					TTGGGTGATG		120
	CAGGCAGATG	TTGGTTCATT	GGCCTTCGTC	CTCTTTCCTC	CTAAAATAAT	ATTGGCTTTA	180
5	CCATCTTAAC	TCAGCTGTGG	GTTTTTTGTG	GGTTCTTGTT	TGTTTTTTGG	CATGAATTGT	240
	CATCTTTGGT	GTTTTTTTAA	CCCCCAGCCC	CTCAAAAAA	TAAGGCCTCC	<b>AGGTATCAAG</b>	300
	ATCTCATATT	AGGATTTTCT	GTCCTTAATT	TTTTGAGCAA	AATCTGGAAA	ATGTGAAAGC	360
	ATATTTAGAT	TTTATATACT	ATCTGAAATG	TGATTTGTTA	AGATTCTTAA	ATTTGGGCCT	420
	CTTAGAATAA	TTTTGAATGA	GATCTACCGA	CTCACTTGTG	AGAATATTT	TCACAGATTA	480
10	TCTTTGGGCC	TTTTCATTAG	AAAGCTGTTT	GTTTGTCCCC	CTGTTGGTAC	ATTTGGTTAC	540
	CTCATTTTGC	CGTTTCAGAT	TGTGAAAGCT	CACAGGGGTG	TTTTTTGGAA	TCATTTGCTG	600
	AGTCATTTTC	TCAAATCATA	TTCCATTGTA	TCAGTTAACA	TATAGTTTTA	AATGTATGTA	660
	TTATAAATAT				ATTTTTAACA		720
	ATTTTTTATG	AAAGTTACTA	GTAATGCTTT	ACTAAGTAGT	GCAATGAATT	TTTATTTTTA	780
15	ATCCCTGTGC	CCAATTTTGG	AGTTGAGAGG	GTTGTTGGTA	ATAAATGTAT	GATGTACACT	840
	TAAAAAAAAA						854

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:802 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH.
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

	TTTTTTTCAG	AGTGCTAGGG	CTTTATTACA	AATGGAGTTG	ACTGCTAGAG	AGGCCCTTCT	60
	CCAATCTTTC	TTCTGTACCT	TCTTCCCTCC	CAAAGACATC	CCTCTAGGGG	AGGTCAGTAG	120
45	GCCATTAGGT	AGGAGGAAAT	CTGGAGAGTG	AAAAGGGGCC	TTGCTTTTGT	CAAAGTCCTC	180
	TGAAACAACC	ACTGAGTCTG	AAGGCTGGCT	CCAGTTGAGA	ATCTTCTAGT	GGAAGAGGTT	240
	TAGCTCTCAT	CTTCAAGGTC	CTTCATTTCT	ACATCCTGGG	GGGCTTTTGT	CTTCTTTTGC	300
	CTTTTGAGCT	GTGGTTCACT	AGTCCTGGCT	GGCTTTGAAG	GGGCTTCCAC	TTCCATGGCT	360
	GTCTTCTCTT	TCTGGGCAAG	CCGGATCTGC	TGGAGGAGTT	TTCTGCGCTT	CTTCCCTGAC	420
50	AGTGTAATGT	TGGCACGTGC	ACTGGACGCC	CGCTTCTTGA	GGTGGTGCCG	CGTGATCAGC	480
	CCTTGGTCTA	TCACAGCCCC	GACCACCCGG	TGCCTCAGAC	GCCGCTCCCG	ATTCAACACC	540
	CGCCGGCGTT	TGAACAGCTT	CTTCTTCAGC	TCCGTTCGGG	GCCGGTTGAT	CTTTCCCCCC	600
	GGAGCTCCCA	TAGTCGCGAT	TCCACTCCAG	TTCACGGTCC	GTACTTCCGC	TCAGCGCCGG	660
	ATCCGCGGGC	TCCGCCCCGG	CCTTCCGCGG	GCCAATCGCA	ACTCGGGGGC	GGGTCCTCGG	720

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG	780 802
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:807 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	. · ·
(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:	
CCCCGTCCGC GCGTGGTGC TGCTGCTGTG CATGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCA GCCTGTCAGT TTCCTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCCTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CCTTGGGTAT GATGGAGGGA GACACCTCCT CATAGACGC AGGTGCCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCCAGC ATGGGCGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGT AACTATTTGT GGCTTGTGTG CTTGAGTGAC GTCTCTGTCG TGTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAAACTG TGTTCTGAGC CTTGAGTGAC CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGT CAGCTGAGC ACAGTCCCAG TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CCGCCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT GTGAGCCCCG GGCCACCAT CCGCCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA ATAAAAAGGTT GACAGGGAAA AAAAAAA	60 120 180 240 300 360 420 480 540 600 660 720 780 807
CCCCGTCCGC GCGTGGTGC TGCTGCTGTG CATGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCA GCCTGTCAGT TTCCTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCCTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CCTTGGGTAT GAATGTGTGA GTTCACCCAG AGGCCTGCTC TCCTCACACA TTGTGTGGTT TGGGGTTAAT GATGGAGGGA GACACCTCCT CATAGACGGC AGGTGCCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCCAGC ATGGGCGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGTA AACTATTTGT GGCTGTGCTG CTTGAGTGAC GTCTCTGTCG TGTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAAACTG TGTTCTGAGC CCCCTTTTCT GGACACCAAC TGTGTCCTGT GAATGTATCG CTACTGTGAG CTGTTCCCGC CTAGCCAGGG CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGGT CAGCTGAGCC ACAGTCCCAG AACCAAGCTC TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CCGCCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT GTGAGCCCCG GGCCGTGCAT CCTGCTCAGT GTGGCGTCAG TGTCGGGGCT GAGCCCCTTG AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA	120 180 240 300 360 420 480 540 600 660 720 780

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

-	CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCCC	CCCACCCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
	CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGCC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
20	CCAACTGGCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
	GCCCCTCATT	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
					CCCCAAGAAC		300
	TCAATGTTGA	ATTTTTTCTT	TATTAAAATT	ACTTTTATCT	TATAAAATCA	ACTAATCAAA	360
•	AATGATATAG	<b>ACGACAGCAC</b>	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
25	TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	<b>AAAGATATGG</b>	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
	AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGGCGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
	GCTTGGACAA	TGAAACCCTG	ACCTTGCTGC	ATTCCTTTTG	CTTCCACCAC	CACTAGCTTC	600
	TTTGGAATCT	TGGGGTGGGG	GTCATCTTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTTGAGT	660
	GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
30	GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAAA	TGTCAGTTTC	AAAAAA	777

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:501 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte pärtielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
- 50

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10

15

20

30

35

\_(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

GGCTTCCGGT CCGTTGCAAA ATCTGCAGCG	CGGGAGGGTC CATTTTTAAA AGTCATCCCC	TGCGATCCGG CGCCAGCTCT GGGCTGGTTA ATCAGGAGAG AAATTTGACC	CGCGTCCTTT TTCTTCCTGA CGCCACTTCG	GCTGGGTCCA AATGAGTTTG CAGTAAGATC	GACACCGGTT GTGATTAGAA GAGATTGTAA	60 120 180 240 300
TTCAGCACAT	TAATAGAATC	TACAGAGATA GCAGGTGAAT	GAAATGTCCC	AACCGATGTG	CTTTCTTTTC	360 420
ATTTGGGAGA	CATTTTCCTA CGTCCTGACT	GGAGTGGAGT	ATATCTTCCA	TCAGTGTAGA	GAAGATGAAG	480 501

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1104 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE-HERKUNFT:-

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40							
	ATTTTGACCC	TAAACTTTTG	GAAGGAAAAG	TAAAGGAGGA	TCCTGACCAG	GGGGAATCCA	60
	TGAAACCTTT	AACCTTTGCA	AGGTTCTACT	TGCCAATTCT	GGTTCCCAGC	GCAAAGAAGG	120
	CCATATACAT	GGATGATGAT	GTAATTGTGC	AAGGTGATAT	TCTTGCCCTT	TACAATACAG	180
ě	CACTGAAGCC	AGGACATGCA	GCTGCATTTT	CAGAAGATTG	TGATTCAGCC	TCTACTAAAG	240
45	TTGTCATCCG	TGGAGCAGGA	<b>AACCAGTACA</b>	ATTACATTGG	CTATCTTGAC	TATAAAAAGG	300
	AAAGAATTCG	TAAGCTTTCC	<b>ATGAAAGCCA</b>	GCACTTGCTC	ATTTAATCCT	GGAGTTTTTG	360
	TTGCAAACCT	GACGGAATGG	AAACGACAGA	ATATAACTAA	CCAACTGGAA	AAATGGATGA	420
	AACTCAATGT	AGAAGAGGGA	CTGTATAGCA	GAACCCTGGC	TGGTAGCATC	ACAACACCTC	480
	CTCTGCTTAT	CGTATTTTAT	CAACAGCACT	CTACCATCGA	TCCTATGTGG	AATGTCCGCC	540
50	ACCTTGGTTC	CAGTGCTGGA	AAACGATATT	CACCTCAGTT	TGTAAAGGCT	GCCAAGTTAC	600
	тесаттебаа	TGGACATTTG	AAGCCATGGG	GAAGGACTGC	TTCATATACT	GATGTTTGGG	660
	AAAATGGTA	TATTCCAGAC	CCAACAGGCA	AATTCAACCT	AATCCGAAGA	TATACCGAGA	720
	ΨΟΨΟΔΔΔΟΔΨ	AAAGTGAAAC	AGAATTTGAA	CTGTAAGCAA	GCATTTCTCA	GGAAGTCCTG	780

```
GAAGATAGCA_TGCGTGGGAA_GTAACAGTTG_CTAGGCTTCA_ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840
ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAGA TGACAAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900
CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960
ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT1020
AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAAACT1080
TACATTTTTC AAAAAAAAAA AAAA
```

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:810 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

10

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

50

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

35	CTGCCCTCC GGGGGGTAGT ACCCGTTGTC CTTAACAGAA	ATCATCCACA TCTATCCTAG GAACCGTGCA TGAGACTGAG AGCACCGAGG	GGAGCCTGAG GGATAATGAA ATTATCTCAG GGATGGGGGT	GCCCAGGGGT AGCAACTTGC ACTGTCTTCT AGGGGGGTTG	GGAAAGATCC TTTGGAAATG GGCTTCTGCC GGGAGAGTGA	AGTTGCGGGT ACCTACCGCT AAAACACTCC GGCTTGAGTG	60 120 180 240 300
40	CTTGTTCTCT ATATTTCAAC TCACAGGGTG GAATCCCCCT GAACAACCAG	CTCATATATG AGACTGATTC ACTCCTCTCA GGATTGTGTA TAGTTCTAAG CCCTACCTCT GAGCTCTGGT	TTGCTATTCC GCATCCTCCA TGTGCATGCA TGCCTCCTTG GTGAGAGTGG	AAATCCTCTT CTTCCCCCAT GGAGGTGGGG CCCGCAGCTT TCACTGCTGC	CCACGTTGAC CTCTCCAAGC GTGGACAGTG CGAGAGCTGT GGGGAGACTG	AGCCCTTCAG TGAACTTGGT CCCTGGGCTG GCCCAGGAGT GCTGCTGCAC	360 420 480 540 600 660 720
45	CTGTTGCGCC	TTCCGCCACC TTGTTGGCCT	GACGAGCTAA	ACTCAGGCTG	CAACAACAGC	AGCGGCACGT	780 810

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:826 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

25

30

35

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAAATCAT GGCAACTACA CAGGATGTTG CTTACCAGGA CGGAGTTTTG GTATCTTAGT 60 ACTGAAGTTA GCACTATGTT TACATGCAAA AGATTAAGGA AAAAACCCTT AAAGTGGACA 120 GGTATCCAAA GTTCATTTTC TGTGACTCAT CAAAGTGACA AAAGACTTGT AACAACTTTG 180 CCTGGACTTT TTTCATTTTA CAACAGTTCA TCCATTCACA ATGATTTTGT TCTCTGCTCC 240 ATATTTTTTA ATCCCTTAAG CATTTGATGA AACACTCTTT AGTGCTATAT GCATTTTCTT 300 ACTITIGITA AAAATGIGAC AATTGICAAA AAATGCACTA AAATGIAAAT GGAGATIGAA . CAAGTTCACT TTCCAGCTTA TAGGCAACTT TATACAGACT TGAACATTTT CTCCAGTTGT 480 TTAGTAAAAG TGAAAGAGAA AGGGTTTTTC CTGCCACAGG ATATAACTTT TTTTTATATA ACAAGCATAA CACACCACTG CTTTTGGTGG AAAAGTGCAG AATAGTATGT ACCTTTTATG 540 AAGAAAAATG TAATTTACAA TATTCAGTGA GAATGTTACT GCTGATTTTC TTTTCCAAGG 600 TGTAGAATAT TCTTTGATTT ATAGAATTCA TTTTTGACCC AGATGATGGT TCCTTTACAG 660 720 AACAATAAAA TGGCTGAACA TTTTCACAAA TAGAGTGTAA CGAAGTCTGG ATTTCTGATA CCTTGTCATT TGGGGGATTT TATTTTACTT TGTTGCTTTA AAATTCAATG CAGAGAAGTT 780 826 GTTGACTGTA GGGGAAATAA AGTTAATTCA AATTTTGAAA AAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:578 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(C) ORGAN:	
	( ") CONOTIOE LIEDICUNET.	
_	(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
5	(A) BIBLIOTHER. CONA library	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:	
10	GTTCTTAACT GTTCCATTTT CCGTATCTGC TTCGGGCTTC CACCTCATTT TTTTCGCTTT	60
10	GCCCATTCTG TTTCAGCCAG TCGCCAAGAA TCATGAAAGT CGCCAGTGGC AGCACCGCCA	120
	CCGCCGCCGC GGGCCCCAGC TGCGCGCTGA AGGCCGGCAA GACAGCGAGC GGTGCGGGCG	180
	AGGTGGTGCG CTGTCTGTCT GAGCAGAGCG TGGCCATCTC GCGCTGCGCC GGGGGCGCCG	240
	GGGCGCGCCT GCCTGCCCTG CTGGACGAGC AGCAGGTAAA CGTGCTGCTC TACGACATGA	300
15	ACGGCTGTTA CTCACGCCTC AAGGAGCTGG TGCCCACCCT GCCCCAGAAC CGCAAGGTGA	360 420
	GCAAGGTGGA GATTCTCCAG CACGTCATCG ACTACATCAG GGACCTTCAG TTGGAGCTGA	420
	ACTCGGAATC CGAAGTTGGA ACCCCCGGGG GCCGAGGGCT GCCGGTCCGG GCTCCGCTCA	540
	GCACCCTCAA CGGCGAGATC AGCGCCCTGA CGGCCGAGGC GGCATGCGTT CCTGCGGACG ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC	578
20	ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:	
	(I) OTO LIENT OLIA DALCTERIOTIIC	
	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
	(A) LÄNGE:799 Basenpaare	
25	(B) TYP: Nukleinsäure	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung	
30	hergestellte partielle cDNAs	
30	Thorgootomo parabile de la la	
	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
	(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
35		
33	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(C) ORGAN:	
	(C) ORGAN.	
	A IN A SMOTHOE LIEDLY INSET.	
40	(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
	(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:	
45		60
	AGCTTTTGTT CACACTTTAA ATAGCAGTCC CAGAATGATT TCACTACAGA CTCTCTGGAA	60 120
	AGCCTGGGAG CTGAATTCCG GAAGATCCCC ACATCGATGA AAGCAAAGCG AAGCACCAAG	120 180
	CCATCATCAT GTCCACGTCG CTACGAGTCA GCCCATCCAT CCATGGCTAC CACTTCGACA	240
	CAGCCTCTCG TAAGAAAGCC GTGGGCAACA TCTTTGAAAA CACAGACCAA GAATCACTAG	
50	AAAGGCTCTT CAGAAACTCT GGAGACAAGA AAGCAGAGGA GAGAGCCAAG ATCATTTTTG	360
	CCATAGATCA AGATGTGGAG GAGAAAACGC GTGCCCTGAT GGCCTTGAAG AAGAGGACAA AAGACAAGCT TTTCCAGTTT CTGAAACTGC GGAAATATTC CATCAAAGTT CACTGAAGAG	420
	AAGACAAGUT IIICCAGIII CIGAAACIGC GGAAAIAIIC CAICHRAGII CHCIGRAGAC	<del>-</del>

AAGAGGATGG	ATAAGGACGT	TATCCAAGAA	TGGACATTCA	AAGACCAAGT	GAGTTTGTGA	480
					TCAGGACTCC	540
AGAGGCTGGA	AAGGGACCGG	GACTGGAAAG	GGACCAGGAC	TGAACAGACT	GGTTACAAAG	600
		CTGTGCTGTT				660
		CTGCAGGAAA				720
ATGTAATGAG	AACTAAAGAA	AACGATGGCT	GGAGATGACA	TTTATCCAGG	GTCACTTTGT	780
CAGGCCCTAG	GACTTAAAT					799

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

10

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1743 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library.

30 ·

25

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

	AATTTATTT-	TTTTTCATGG	TCTGTCAGGT	TTTATTTATA	GAGTCTGGTG	AACTTGAACT	60
35	AGAGAAAGCT	GCAAAAAGTG	GTTTGGAGAG	CATGGCAGGG	CCATGGAGAA	GGGCTAATAG	120
	AAGCAGGTCC	CTTGCCCAGA	CCCTCAGGGA	GCCCTTTTGG	TGGATAGCGG	ACACCTGAGG	180
	CAGGAGGTGG	CAGGGGCCAA	GTCCAGGCAG	GCAGCAGCAG	GGCTGCAACT	GAGAGCTGAG	240
	GCTGGAGAGG	TAGCGCTCGC	CCTAACCTGA	TCCTGCAGGT	CTCAGGCCCT	GGGGTCATAT	300
	ACTCGCCCCA	TGAAGACAGG	GAACTTGTGC	TGCTGGTCCC	AGAGCACGAA	GAGGAAGGC	360
40	TGCTGCACTT	CAAAGACCAG	CAGGGTGCGG	GCCACAGAGA	TGGCGGAGGC	TGCAGCCGCC	420
	TCCACCCCAG	TCTCTGTCAG	TTCCAGCACT	GTCTGGTGCT	GCATCGCAGA	AACCTGAAGA	480
	TCTGGGTCCT	CTGTCAGCCC	<b>ACACAGGTTA</b>	AGGTCATAAG	AAAAATCGAA	GAATTCCAAT	540
	TTCTCCATGA	TTGAGAGCAT	ATCCTGGCTG	GTCGTCACTT	TGATGCGGGG	TAGTGTTAGG	600
	AGAGTGGGCT	GGAACTTGGA	CATCTCCAGT	TTCTCCATGA	TGGCCTTGAA	AACAGAAGGG	660
45	CTGAGAGCCT	GTTCCATGTC	TTCAAGACGA	TGTTTCAGGT	TCTGGGGTAC	CAGGATCACC	720
	AAACTCAGAT	TGTGGGAGAG	CTGCAGCTGC	CCCACCTTGG	CTTTCAAAGT	TTGGTCAATG	780
	AAATGGGCCA	CAGGGTACTT	CTTGCTATTC	ATCATGGGCA	CTTTTATAAC	TGAGTTTTTG	840
	AAGTGAAAGG	GTTCCATTCT	GGTTTTCTTG	GGATCAAATG	TTGTCTTCCA	CTTGGCACTC	900
	AGGTAGATAG	CATTGAGGAG	GACAAGGCGG	GTATCGGAGG	GCAGACTGTC	TAGCAGCCGG.	960
50	CTGATCTTGT	TGTTGGTGTT	CTTGGCCACC	CAGGTGTTGA	TGAGCTCCAA	AGTTGAATAG	1020
	CAAGAAGTAC	CCTGTGGCCC	ATTTCATTGA	CCAAACTTTG	AAAGCCAAGG	TGGGGCAGCT	1080
	GCAGCTCTCC	CACAATCTGA	GTTTGGTGAT	CCTGGTACCC	CAGAACCTGA	AACATCGTCT	1140
	TGAAGACATG	GAACAGGCTC	TCAGCCCTTC	TGTTTTCAAG	GCCATCATGG	AGAAACTGGA	1200

128 PCT/DE99/00722

GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCGC ATCAAAGTGA CGACCAGCCA1260
GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTTCTTATG ACCTTAACCT1320
GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTTCA GGTTTCTGCG ATGCAGCACC AGACAGTGCT1380
GGAACTGACA GAGACTGGGG TGGAGGCGC TGCAGCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440
CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTG CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500
GTTCCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCCAGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560
TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620
TGGAATTGGC CCCTGCCACC TCCTGCCTCA GGTGTCCGCT ATCCACAAA AGGGCTCCCT1680
GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

WO 99/46375

10

15

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

\_(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60 CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120 CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180 GGGGAGCTGG ACCCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240 40 TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCAT GCACAGCTCC 300 TGTCCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360 CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420 ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCCTGACC TGTCCTTTTC 480 CCACAGGCCT CTGGGGGGCAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCCTTCCT GGCCTTAGCC 540 45 ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600 CCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660 CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCTCCTG TGACCTCAGG 720 GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCCT GCCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840 50 TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900 AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960 CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTCAGG TCTCCCCCCA1020

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:768 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

10

15

25

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

					•		
30	GTTTTTTTT	TTACTGCAGA	AAATTGGTGG	TATTTTCACA	TTCATAGTGT	TTCTATCCAA	60
	TTTCAGTACC	CACATTTAAT	GAGGAAAAA	TGTTTTACCA	ATGAAGGAGG	<b>AATTCTTAAA</b>	120
	TTAGCTGTAA	TGTTAGGTTG	GAGAAAATTT	GGTATTTAGG	GTATTTTCAA	GGTACCATCA	180
	AATCAGATTT	CTGTTTTTT	GTTAAAAAAA	ATTTTTTAA	TCAGTATTGT	TTTTACAAGT	240
	AATATACTTT	GAAACTCTTG	AACTAATAGT	CTCAAAAACT	CTAGAGGACA	GTCTGAGAAC	300
35	_ACGTATTTCT	ATTGTTCTAA	ATAAATACAT	GTTTTTGAAT	AGTTCAATCA	TGAATTATTG	360
33	スクロス中の中で中で中で	САТСАВАВСТ	GTTAATCCCT	CTCAGGGTCT	CTGGTGAAGA	CCTTCAAGAG	420
	MUMCCOUNTY	TCTCCCAGGA	AATTGGAAGG	TAGAATTGTA	AATTCATAGA	ACTTCTTTTA	480
	TITGGITTI	CICCCAGGA	MCCCMMMC33	THURST TOTAL	CTCCTTACAG	ΔΩΤΤΤΑΤΆΩ	540
	TAATGGTGTA	CCTCAGCAGC	TGCCTTTCAA	TITATGCCAA	GICCIIACAG	AGITIMINO	
	TGAATAGTAA	<b>ATATGTCTTC</b>	TGAGTTTTAC	AGTGTCTTAA	ACTCAATGCA	CATTTTTTT	600
40	<b>ТСТТСТТТТТ</b>	CCACCCCTTC	TTGTTTGTAG	TTCATTATAC	CTGTCCTATT	ACAGAACTGA	660
70	###CC##CC#	CCCTCTACAT	GTTGGGGTGC	TGGATTTTT	TCCGTGTCTT	TAGTCTTCGG	720
							768
	ATACATGTTC	TCTTCTTTAG	CTTGTGGTGA	ATACAGTAAT	TTGCATTG		100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1029 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN-
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

	CCCTGCTGTG	AAGTCCTGGC	AGGTGTTGGT	AATGTGTGGA	AATGCAGTCA	GCAAGTTTGC	60
	TGGGGAGTTT	GATAAAAGTA			CTCGGTATAA	TTTTGTTCCA	120
20	CGACTTCTTC	TGTAGCTTTA	CACCAGAAGG	AAGGAATGGG	CTACAGCAGG	TAGTGGAGGA	180
	AGAGGGGGGT	GAGCAGGTGT	ATTAAAATAG	CTTACGGGTA	AGGCCTAAAA	GGTCACCCCT	240
	CGGCCCCCTC	TCCAAAAGAA	GGGCATGGGC	ACCCCCAGGA	GAGGATGGCC	CCAAAAACCT	300
	TATTTTTATA	CATGAGAGTA	AATAAACATA	TTTTTTTTAC	AAAAATAACT	TCTGAATTTA	360
	TCAGTGTTTT	GCCGTTAAAA	ATATTCCTCT	ATAGTAAATT	ATTTATTGGA	AGATGACTTT	420
25		CCGTTTGCCT			ATTTATTTTT	CTATGCCAGG	480
	CAGTAGAGTC	TCTCTGCCTC	TGAGGAGCAG	GCTACCCGCA	TCCCACTCAG	CCCCTCCCTA	540
		TTTGATGAAA				AAGGGTGAGA	
	AGGAGAGCCT	GCCTGCTCAG	GGATCCAGGC	TCGTAGAGTC	ACTCCCTGCC		660
		CCAGCACCTG					720
30	GGGGTCAGAC	TTGATACACT	TTCAGGTTGG	GAGTGGACCC	ACCCCAGGGC		
	CAGAGCAGCC	AGGCCGTCCT	GGCTCACTTT	GCAGTTGGCA		GAGGAAGAGA	
	GCTGATGAGT	GTGGCTTCCC	TGAGCTGGGG	TTTCCCTGCT		TGAGCTGTCC	
	TCGGTGTTAC	CGAGGCTGTG	CCTAGAGAGT	GGAGATTTTT		GTGCTCGCTC	
	TCTGCGTTCT	ATCTTCTCTC	TCCTCCTTGT	TCCTGCAAAC	CACAAGATAA		
35 ·	GTGTCTCGA					:	1029

- -(2)-INFORMATION-ÜBER-SEQ-ID-NO: 44:--
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:736 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

-(C)-ORGAN:- --

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

10	ATTCCTGGGT	TGAAATATTT	TGTAGGGATT	GCTTATTATA	TTATTTTAGC	TGATGAACCT	60
10	CAGGACAACG	GCTACAGACA	CACACATACA	TACACGCACA	CAAAATCTCA	GCTGTTGAAG	120
	AGTGGGCTTG	GAATCAGACT	TCTGTGTCCA	GTAAAAAACT	CCTGCACTGA	AGTCATTGTG	180
	ACTTGAGTAG	TTACAGACTG	ATTCCAGTGA	ACTTGATCTA	ATTTCTTTTG	ATCTAATGAA	240
	TGTGTCTGCT	TACCTTGTTT	CCTTTTAATT	GATAAGCTCC	AAGTAGTTGC	TAATTTTTTG	300
15	ACAACTTTAA	ATGAGTTTCA	TTCACTTCTT	TTACTTAATG	TTTTAAGTAT	AGTACCAATA	360
••	ATTTCATTAA	CCTGTTCTCA	AGTGGTTTAG	CTACCATTCT	GCCATTTTTA	ATTTTTATTT	420
	AATTTTATTT	GCTTGAGCAC	ACTGATCAAC	CACTGAACTG	CCTTCTTCCA	TTGTCCTGCA	480
	ATGATATAAG	GGTTACATTT	TTGTGTATAT	GGCTTTCATA	GTTGGGATTT	CAGAGCACTG	540
	ATACCAGATA	TTTTCAGTTT	GTTCTCTGGG	GGAATTTCAT	TTGCATCTAT	GTTTTTAGCT	<b>60</b> 0
20	ATCTGTGATA	ACTTGTTAAA	TATTAAAAAG	ATATTTTGCT	TCTATTGGAA	CATTTGTATA	660
	CTCGCAACTA	TATTTCTGTA	<b>AACAGCTGCA</b>	GTCAAAAATA	AAACACTGAA	AGTTTTCATT	720
	TTGCAGTGGA						736

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

25

5

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

	GGACCGTGTG	TCGGCCGTGG	CGCTGCCCAA	GCTGCCCATC	TCGCTCACCA	ACACCGACCT	60
50	CAAGGTGGCC	AGCGACACAC	AGTTCTACCC	TGGCCTCGGG	CTGGCCCTGG	CCTTCCACGA.	120
30	CCCCACCCTC	CACATCGTGC	ACCGGCTCTC	ACTGCAGACC	ATGGCCGTCT	TCTACAGCTC	180
	CCCCCCCCC	AGGCCTGTGG	ATGAGCCGGC	CATGAAGCGC	CCCCGCACCG	CGGGCCCCGC	240

5	CCACGGAAG GCTGGCGCTG GTGGGACATC CGAGGAGTAC CATGAAGGCC CACCAAGCTC TCTCAACACG CGACGTCGAC GAACACACTG TGCTGGCCAG ACGCACCTC	CTGAGCGTGC CGGCACCTGC CTGCTGCACG ACGCGCCAGA TCGCTCTGCA TTCCTCATCG CCTGACAAGA ATTGACAAGG CAGGGCGCTG CCTACCCAAC GCTGGGCATG CTGCCTGCCC	TCCGCCTCTC TCTTCCTGCT TGCAGCCCAG CCGCTGCCCT AGCTGTCGCC CCATCAGCTC GCCCCGGCGA TCATGATCAA CAGCAGCTCT CAGGGTTCCC CTTCGGGAAT GTGTATACGG	ACCTTCCATG GGAGTACTGC TATGGTACAG GCAGCAGGTC CTGCACGGTG CACCCTGAAG CCGCTGACC CCTCAAGACG TGCAGTGGGT TGCTGAGGCC TGATGGTGGT CCACCTCGGA	GGCCACCGC ATGGTGACCG AGCCTGGTGG CTCTCCACCC ACCCGCGTGT TCGCTGCTGC GAGATCTGCA GAGGAATTTG GGGCGACTTC GGGCCACAGC CATCCGCATC TACCCAGGAC	GGATTGACAG TGGAGGTGGG GCTACGACTG AGAAGCTGCA GGATCCTGGC GCGACTACCA GCCCCCACTT CCAAGATCAC TGCTGGACAT GTGCTGTACC TTTCTGCGGG TGGGGCCTTC AGCATGTCCCI	420 480 540 600 660 720 780 840 900 960	•
15	TGCTCTTCCG AGCCGGACGA GCCTGGACTG	GGCGCTGGTG	AAGCTCTGGA GATGAATGCT	TCTGCTGTCG GCCTGCTGCC	CGATGAGGGC CAGCCAGCTG	CCAGCGAGCG1 CTTATCCCCA1	1080 1140 1159	

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 20

- (A) LÄNGE:690 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

	ACACCGCCCG	ССССТСТТТТ	TTTCTCTTTC	TTTTTTTTT	TTTTTGCATA	TCAGAAATGC	60
	ТТТААТТТА	TTATTTGAAA	ACAACTTAAA	TTTTTAGACA	AATGATTTTA	GTATATAAAT	120
45	TTGCTTTTGT	TTTTATACAG	<b>AATATAAAGA</b>	TTTCCCTCAT	TAATCTTCCA	TGTGAAGGGT	180
43	ATTACAAGCC	TGGAGGAAGA	TACTTTCTGC	ACACAAGTAT	GTATCTTATG	TGTGCAGTAT	240
	TGGAAACCAA	TGGTGTAGTG	CTCCTACACA	TAAATGGGGT	CAAGTGACAT	CACAAATTAA	300
	AAGGGGGAAA	GAGAAATATT	CTAGTTAATC	<b>AGATGCAAGA</b>	AGCAAACAAG	ACGCAAAAAC	360
	TGTGCAAATA	AGACCAAGCC	AGTAACTTTA	GTTACGACAC	TGCAGATTAC	ACTGGAATAA	420
50	CAGGTTTGTG	AGGCTATAGT	GTGCACCACA	TTAAAACAGC	AAGAAAGAGC	TATTTATATA	480
-	CAAAGGCTGG	AATGAGGGAT	TTTTACTAAA	GCAAATTAAC	TTCTTGTCAA	CTGCCAAAAC	540
	DAAACAAAAC	TGAGCATATG	AGTGTTAGTA	TACTGAAGGC	ATGTTATACC	AGTTTCTGTG	600
	CAGCATGCTA	AAAGTTAGAA	CTTCTTCACT	GGTGCTTATC	AATCATTAAT	AGTCACGTTT	660

TTGCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1186 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

10

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

	ACCATAGATT	TATTTTAAAA	GGGAAAATCT	CACACATAAT	TAAGCAGTGG	AAAATGTGCT	60
30	CAATGCTATG	GTGCGTCAGG	CCCTCTGTCT	ACCAGGTTTC	TCCCGCTTTC	TGCAGAGCTG	120
	TGGACCCTGT	ACGTACCAAA	CAGGTGAACT	TGGTCCATCT	TTCCTTCTTC	CTTTTTTTGC	180
	ACATTTGCAT	TTATATCTTC	CTGTACTAAA	AGAAACAAAT	TATTTATAAT	TGGGGTGACA	240
	ATATAAAGGA	ACAAAAGATG	GGGCAATAGT	TGCTTCCTAG	CTGGAGCTGT	AAGTCCATGT	300 -
	TACAGAAACT	CACTATTTAA	AAAGTTTTAA	<b>AAGATTTATG</b>	AACCTTGTCC	TACAATTCGC	360
	TGAATACTTA	TTTGTCTTTT	AAACTCCCCT	CGGTGTATGG	ATCATCTTCG	TCAGAATGCC	420
35	GTTGTTTCAT	TGTGAATCAG	GGGAAAATGT	TAATCATTTG	GAGACTGTTT	TCTTATTACC	480
	AAATGTACAA	TCCATAAGAC	<b>AACTGAAAGC</b>	AACAACTGCT	GGGTTCACTG	ACAAAGATTA	540
	TAAAAATCAT	CACGTTCAAA	GTAGAGTTTT	TAGCCAAGGT	CAAGAACTAA	CCTGGGGCTG	600
	AGTCAGCGTC	TCTACCCACT	TAAATAACAG	CGTAAAGATC	TTTCACTAAA	TTCGTTATGT	660
	GGTCTGTCTG	GATGTAAACC	TATATATTTC	CTTTTGAAAC	AGAATCATAT	CCTGCAGACT	720
40	CTTGGCACTC	CTGCATAGCT	TTGACCGAAT	GTTCACTCTC	ATCGTAATGG	<b>AAGATTTCTA</b>	780
	TCTATGCAGA	TAATACATGT	TTTTAAATAC	TGTTTTCTGT	TTAGTCCTCA	ATCTTCCTAA	840
	CTCAAATTGG	GGACTGAGGA	GAGAGAAAGG	TGGTTACCCC	TGTTACCGTG	CCATATTCTT	900
	CTTGCTGCTT	TTCAACCCCA	CGTGATTGTT	GATTGACGGT	TCTGCTATAA	TGTGCGTGCC	960
	CTTCAAGTTT	CAGAAAACTT	TCCCAATCAT	TTCACTTCAA	TCTTAATTGA	ACCCAAGAGT:	1020
45	CAAAGTTATT	ATTTTCTCCG	AACGTGTTTG	TGATCTTCTG	TTATATTTTG	GGGCATGTTA	1080
	CCTTTATGGT	ATATAAGCTG	TAGTGCATAC	TCTTTGTATT	GCAAAAAACT	GGTCAGTAAT	1140
	TTATGTACAT	GTATTCCACA	TTTTAGTGTG	CTTGAAGTGA	CAATCC		1186
	1 1111 01110111						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C)-STRANG:-einzel--
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

40

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:
- GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGGACCA CGGGGTGGAG GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTTCCTGT TGCCTGTCTC TAAACCCCTC 120 CACATTCCCG CGGTCCTTCA GACTGCCCGG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCTGCC 180 TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240 25 GGAGGGCCTT GGCAGCCCCT CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGAAG 300 AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360 GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420 AGAACCACCA CTGCAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT 480 GCGTGTGCCA GGACCCCACC AGCTGCCCAG CCCCCATTGG CGAGTTTGAG AAGGTGTGCA 540 30 GCAATGACAA CAAGACCTTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCTGG 600 AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660 CCCCTTGCCT GGACTCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720 ACGTCCTGGT CACCCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780 AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840 35 GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTTCGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900 TGGCAGTTCG GCCAGCTGGA CCAGCACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCCA CACCGAGCTG 960 GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTCGAGACC1020 **GTGACCTGG** 
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:985 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
    - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

· 5

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

	ATCACTCTTT	CTCAGCTCGA	CTGGAGTTTC	TGCACCTTTG	CAGGGGCAAA	GTAAGTCCCT	60
15	GCACCCTGAA	CCACCCCCA	TTCCTGTTCA	TTTCAGCAGA	TAATGATGGA	GGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT	GCTGAGGGTG	TGACCGCAAG	AGGGTGAAAA	CTTCCAGCCA	ACTTTCTCAG	180
	TCCTTTCTCT	TGCGAGAGGG	AAGCCACCTG	CTATACAAAC	TAATACCCCC	TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC	GACTCAGTTG	ACAGAAGGAT	ATACTTTGTT	ATAACTTATT	ATTTTGTTCT	300
	CTGTAAATAC	AAGATGTTTA	TAGGAAATAT	GTATTCTGAA	CTCTATCTGC	AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA	<b>AATAGTTCTA</b>	TTATTTAGAA	TGTGTTAATT	TTAAAGGGAC	CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA	TATGCGATCC	ACATTTGTGT	GAAAGCATGT	GATCATACTA	ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC	GCTGTACGAT	GATTGATGTC	TTTTTCTCAG	TCCATAGTTA	CAATTGTTTA	540
	GTATGCTAAT	CAGTCCAGTT	CCCTGAGGTT	TAAGATCAAA	TATAAATTAC	TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA	GGTAGCATTG	TACCTGAACC	TGATTGCTAC	TTTTTCATCT	TAAATATTAT	660
25	ATTTCCTCAT	CTAATCTGCC	TTCCCCTCAT	CCACAGACAT	TTGGAGAAGG	AAATGGGAGG	720
	GTGTCTGTTA	TCCCTTTCTC	TTTGCTTTGT	CCCCGTTGTT	AGACTGGCAG	CGTCAGTTGC	780
1	TCGGTGGGCT	TGGTTAGAGC	CGTGGGTGAG	GCAGGTGGCT	GGCGGGGACA	GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG	TGGTGGCATT	TACTGCTCTG	ACACTTCCAC	TGTCCCTGCT	GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC	CTGTGGGGCC	TGTGAACTGC	ACAGCCAGGA	GCAAGGAACC	CACTAAATAC	960
30	TCCGTCACTG	CATGTCCCCT	CTACA				985

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:622 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5 ATGTTTTCA TTTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA 120 TTTCATAATG TGGATTTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTTA 180 GTGTTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTTCA AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG CTCAAATTTG ACCAACTCAG TTTAAGACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAAATGAA 360 GAGAGTTTCT AGTTTAATGG GTTAAATTTT TGTTGTTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT ATAATATTTC TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTGTGAAGA TTACTTTGTT 420 AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTTAAAT 480 CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC 540 TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT 600 15 TAGTAACAAA AAAAAAAAAA AN 622

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1129 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

--

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

20

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

	GATTTTTATC	TAGAAACTAT	ATTTACTTAA	ACCCCCTCA	GGAAAGAGGT	TTTAAAATCA	60
	AAGATGGGAA	AATCGGAGAA	AATTGCCCTT	CCCCATGGCC	AGCTTGTTCA	TGGTATACAC	120
45					ATAACTTGCC		
	ATCACCTCTG	CAAAAAGAAA	TGAAAACAAC	TTTTGGCAGG	ATTCTGTTTC	ATCTGACAGA	240
					ACATTAAAAA		
	AAGAAATCAG	CATTTCTAAC	TGAAGTGAGC	CAAAAGGAAA	ATTATGCTGG	GGCAAAGTTT	360
	AGTGATCCAC	CTTCTCCTAG	TGTTCTTCCA	<b>AAGCCTCCTA</b>	GTCACTGGAT	GGGAAGCACT	420
50	GTTGAAAATT	CCAACCAAAA	CAGGGAGCTG	ATGGCAGTAC	ACTTAAAAAC	GCTCCTCAAA	480
	GTTCAAACTT	AGATTTCAGA	TTTCAGTATG	TGTGTAAAAC	ATAATTTTTC	CCATATCCCT	540
	GGACTCTTGA	GAAAATTGGT	ACAGAAATGG	AAATTTGCCT	TGTTGCAACA	TACAATTGCA	600
	AAAGATGAGT	TTAAAAAATT	ACATACAAAC	AGCTTGTATT	ATATTTTATA	TTTTGTAAAT	660

.15

20

30

ACTGTATACC	ATGTATTATG	TGTATATTGT	TCATACTTGA	GAGGTATATT	ATAGTTTTGT 720
TATGAAAGTA	TGTATTTTGC	CCTGCCCACA	TTGCAGGTGT	TTTGTATATA	TACAATGGAT 780
AAATTTTAAG	TGTGTGCTAA	GGCACATGGA	AGACCGATTT	TATTTGCACA	AGGTACTGAG 840
ATTTTTTCA	AGAAACAGCT	GTCAAATCTC	AAGGTGAAGA	TCTAAATGTG	AACAGTTTAC 900
TAATGCACTA	CTGAAGTTTA	<b>AATCTGTGGC</b>	ACAATCAATG	TAAGCATGGG	GTTTGTTTCT 960
CTAAATTGAT	TTGTAATCTG	<b>AAATTACTGA</b>	ACAACTCCTA	TTCCCATTTT	TGCTAAACTC1020
AATTTCTGGT	TTTGGTATAT	ATCCATTCCA	GCTTAATGCC	TCTAATTTTA	ATGCCAACAA1080
AATTGGTTGT	AATCAAATTT	TAAAATAATA	ATAATTGGGG	CCCCCCTT	1129

# 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:877 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

		•					
35	CACACTGAGG	GTTTTTAACA	CCATTCTCCC	CCACTTCTCT	CCTGGGTGAC	ATAAGAGAGA	60
	AATAACCTGT	AGTACAGCAG	CTAAAGTATT	CTCCTTTCAG	AGAATTTTTT	TGGAGGTCTC	120
	TAATATATAT	TTCCCCCTTG	TCTCTGTGAT	CTCTTATTTA	TACTATATTA	TTGTCCCATG	180
	TACTTTCTAA	ACTGAGCTTG	GAACATTTAG	TATTCCTGCA	ATTGGACTTC	CCACTTAACA	240
	ATTATACAGA	CTTTGCTTTT	AGAAATAGAT	TAGGTTCCAA	ACAGAAAGTT	CAAGTGTAAC	300
40	AACAACAATA	AAAATAGATT	ATGAAACAGG	CTATAATTGG	CTCTTTTGGA	TTTGATAGGG	360
	GCAAGATGAA	AGGCAACTTT	CTTGCTTTTG	AAATCATGTT	GGGTAAGAGG	TAAGGAATCC	420
	AGCTACAATT	TTATTAGTGC	TTGAAACGGG	CTTCCTTGAA	TTCTCCAGGC	CCTATCATTT	480
	TTTTTTTTCT	TACTAATCAG	<b>AAGAGAGCTG</b>	GGGTAGAAGC	CCCATGTTTG	TATTCCATGA	540
	AACACGTCGG	GTTGGAGTAA	AGGCAAAAAC	AGCTAGACAC	ACCAGGTGTG	TCTGTTTGAC	600
45			CAACACTCCT		TCTCTGGGAC		660
			GAATTGCCCT		GGATTTATTA	TTTTTCTCAA	720
	ATACCAACCA	GTAAGATCCC	AAATAACTTG	AGAAAAATTG	TTTCCTGATC	TGTCCACTTC	780
			ATCTTCTTAG		GTATTTTATA	TGTATAATTT	840
		-	TTTGTCTAGT	_			877
50	Initionali						
50							

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1329 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

50

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

	GTCGGGGAGC	GCGGGGCCGG	GGCCCAGGGG	ACCCCGGGCC	ACGGAGAGCG	GGAAGAGGAT	60
	GGATTGCCCG	GCCCTCCCC	CCGGATGGAA	GAAGGAGGAA	GTGATCCGAA	AATCTGGGCT	120
25	AAGTGCTGGC	AAGAGCGATG	TCTACTACTT	CAGTCCAAGT	GGTAAGAAGT	TCAGAAGCAA	180
	GCCTCAGTTG	GCAAGGTACC	TGGGAAATAC	TGTTGATCTC	AGCAGTTTTG	ACTTCAGAAC	240
	TGGAAAGATG	ATGCCTAGTA	AATTACAGAA	GAACAAACAG	AGACTGCGAA	ACGATCCTCT	300
	CAATCAAAAT	AAGGGTAAAC	CAGACTTGAA	TACAACATTG	CCAATTAGAC	AAACAGCATC	360
	AATTTTCAAA	CAACCGGTAA	CCAAAGTCAC	AAATCATCCT	AGTAATAAAG	TGAAATCAGA	420
30	CCCACAACGA	ATGAATGAAC	AGCCACGTCA	GCTTTTCTGG	GAGAAGAGGC	TACAAGGACT	480
	TAGTGCATCA	GATGTAACAG	AACAAATTAT	AAAAACCATG	GAACTACCCA	<b>AAGGTCTTCA</b>	540
	AGGAGTTGGT	CCAGGTAGCA	ATGATGAGAC	CCTTTTATCT	GCTGTTGCCA	GTGCTTTGCA	600
	CACAAGCTCT	GCGCCAATCA	CAGGGCAAGT	CTCCGCTGCT	GTGGAAAAGA	ACCCTGCTGT	660
	TTGGCTTAAC	ACATCTCAAC	CCCTCTGCAA	AGCTTTTATT	GTCACAGATG	AAGACATCAG	720
35	GAAACAGGAA	GAGCGAGTAC	AGCAAGTACG	CAAGAAATTG	GAAGAAGCAC	TGATGGCAGA	780
	CATCTTGTCG	CGAGCTGCTG	ATACAGAAGA	GATGGATATT	GAAATGGACA	GTGGAGATGA	840
	AGCCTAAGAA	TATGATCAGG	TAACTTTCGA	CCGACTTTCC	CCAAGAGAAA	<b>ATTCCTAGAA</b>	900
	ATTGAACAAA	AATGTTTCCA	CTGGCTTTTG	CCTGTAAGAA	AAAAAATGTA	CCCGAGCACA	960
	TAGAGCTTTT	TAATAGCACT	AACCAATGCC	TTTTTAGATG	TATTTTTGAT	GTATATATCT:	1020
40	ATTATTCAAA	AAATCATGTT	TATTTTGAGT	CCTAGGACTT	AAAATTAGTC	TTTTGTAATA	1080
	TCAAGCAGGA	CCCTAAGATG	AAGCTGAGCT	TTTGATGCCA	GGTGCAATCT	ACTGGAAATG	1140
	TAGCACTTAC	GTAAAACATT	TGTTTCCCCC		TAAGAACAGA	TCAGGAATTC	1200
	TAAATAAATT	TCCCAGTTAA	AGATTATTGT	GACTTCACTG	TATATAAACA	TATTTTTATA	1260
	CTTTATTGAA		TGTACATTCT		CTGTAAAGAC	AAATAAATGA	1320
45	TTATATTCA	HOUGOHONCO	10111011101	10011011011			1329
43	ITMINITUM	,					

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:697 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

50

10

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

	GTAGGCGCTA	GTCTGGGCGC	AGAGGTTTCT	GGGAGCCAAG	AGTGGTAATG	GCGTCTGTAT	60
20	GATCTTCGGA	GCCTGCTGCA	TCGGACCTCG	GCCAGTCATA	<b>AAAGATGACA</b>	ACAGCAGCCA	120
	GGCCAACCTT	TGAACCTGCC	AGAGGTGGAA	GGGGAAAAGG	AGAAGGTGAT	TTGAGCCAAC	180
	TTTCAAAGCA	GTATTCAAGC	AGAGACCTAC	CCTCTCATAC	AAAGATAAAA	TACAGACAGA	240
	CTACTCAGGA	TGCCCCTGAA	GAGGTTCGTA	ACCGTGACTT	CAGGAGAGAG	TTGGAAGAAA	300
	GAGAGAGAGC	TGCTGCAAGA	GAGAAAAATA	GGGATCGTCC	AACCCGAGAA	CATACAACCT	360
25	CCTCTTCAGT	GTCAAAAAAG	CCACGGTTAG	ACCAGATTCC	TGCCGCCAAC	CTTGATGCAG	420
	ATGACCCTCT	AACAGATGAG	GAAGATGAAG	<b>ATTTTGAAGA</b>	AGAAAGTGAT	GATGATGATA	480
	CTGCAGCTCT	TCTTGCAGAA	CTGGAAAAAA	TTAAAAAAAGA	AAGAGCTGAA	AAGGGCCAAG	540
	GCCCAGGGAA	GGGACCAAGG	GCCAAAAAAG	CTTTAAGGGG	GGGAAGGGTT	TCGTTTTGGG	600
	AAAACATTGG	TTGGGCGGGA	AACCCTTTCC	CTTTAATCTT	GAGCTTGGCC	CATTCCAAGC	660
30	TTAAGGCCGA	CTTTGAAAAG	TTTGAAAGGA	GGGTGGG			697

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1389 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### \_(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

5 CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120 GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180 AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTAA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC 240 AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300 CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360 TCATGCAAAC ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC 420 TTAAACAGTG CCAGCCCCTG CCATCCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCCAG GCGTCCTCCA 480 CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540 GGTCCTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG 600 15 CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT 660 AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTTGGG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT 720 GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT 780 TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840 TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900 20 CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960 CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020 GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080 AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG1140 GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC1200 25 ACCATCAAGA AGCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260 GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGCTTTTT TCCCAAAAAT1320 GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA' TAAAAACCAA1380 **ATCTAATAT** 

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:535 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

35

40

45

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

	TGTATTGAGG	TAATAAATTG	TTTTACTGAC	AATTTTTCCT	TTTTCTACAC	TAAAACAATA	60
					TCTCAAATTT	•	120
5	CAAGATAGAA	CCTTTAGATA	CTCCAACTCA	CCAAAATGTA	AAAAAACTAA	CAAAAATATT	180
	TGGTCTTCAA	TAATGCTAAA	TATCTACATT	TTTAGAATTT	ATCAACATTT	AACTAGATAA	240
	TTGGGCATGT	CTTAATTATG	CATGTACTTA	TCCATACTAA	TAAAATTGAC	AATGCTAGTG	300
	CATACTTATT	GGTTTAGTCC	TATTATCAGG	ATATAATCAT	CTGTGAGGAG	GATATTTTAA	360
	ATACTGTAAA	TGATAACAGT	TAATGATATA	CACATTTAGA	CTGAGTTGCA	CACTGGCAGG	420
10	GAGACCAAAA	ACATTACTTC	CATACTTGTG	TCATGATTCT	TTTTTTTTTG	AGAGAGTCTC	480
	ACTCTGTCGC	CAGGCTGGGA	GTACAGTGGC	<b>ATGATCTCGG</b>	CTCACTGCAA	CCTCT	535

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1098 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

	GTGATTTGAC	ATTTGAACAA	ATTAGGAAGC	TGAATCCTGC	AGCAAACCAC	AGACTCAGGA	60
•	ATGATTTCCC	TGATGAAAAG	ATCCCTACCC	TAAGGGAAGC	TGTTGCAGAG	TGCCTAAACC	120
40	ATAACCTCAC	AATCTTCTTT	GATGTCAAAG	GCCATGCACA	CAAGGCTACT	GAGGCTCTAA	180
	AGAAAATGTA	TATGGAATTT	CCTCAACTGT	ATAATAATAG	TGTGGTCTGT	TCTTTCTTGC	240
	CAGAAGTTAT	CTACAAGATG	AGACAAACAG	ATCGGGATGT	AATAACAGCA	TTAACTCACA	300
	GACCTTGGAG	CCTAAGCCAT	ACAGGAGATG	GGAAACCACG	CTATGATACT	TTCTGGAAAC	360
	ATTTTATATT	TGTTATGATG	GACATTTTGC	TCGATTGGAG	CATGCATAAT	ATCTTGTGGT	420
45	ACCTGTGTGG	AATTTCAGCT	TTCCTCATGC	AAAAGGATTT	TGTATCCCCG	GCCTACTTGA	480
•	AGAAGTGGTC	AGCTAAAGGA	ATCCAGGTTG	TTGGTTGGAC	TGTTAATACC	TTTGATGAAA	540
	AGAGTTACTA	CGAATCCCAT	CTTGGTTCCA	GCTATATCAC	TGACAGCATG	GTAGAAGACT	600
					GTTCAGAAAC		
	CTCATACAGG	GATATCAAAA	TACCCTTTGT	GCTAGCCCAG	GCCCTGGGGA	ATCAGGTGAC	720
50	TCACACAAAT	GCAATAGTTG	GTCACTGCAT	TTTTACCTGA	ACCAAAGCTA	AACCCGGTGT	780
	TGCCACCATG	CACCATGGCA	TGCCAGAGTT	CAACACTGTT	GCTCTTGAAA	ATCTGGGTCT	840
	GAAAAAACGC	ACAAGAGCCC	CTGCCCTGCC	CTAGCTGAGG	CACACAGGGA	GACCCAGTGA	900
	GGATAAGCAC	AGATTGAATT	GTACAATTTG	CAGATGCAGA	TGTAAATGCA	TGGGACATGC	960

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAAACT TGCCACACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020 GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080 GGAGCACTAA AGGAAAAA 1098

- 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1860 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - -\_(iii) ANTI-SENSE: NEIN --- ---
- 20 (vi) HERKUNFT:

10

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:
- TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60 30 ATGAAGGCAG CTTTTCTTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTTAAA 120 ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATTT 180 GTCCAATTTC TGTCTCTTCC TCACCATTGG GTATCTATTC TTTATATGTA AATAAGATAA 240 GGTCATCTGA-TAGCCTTATT CAGTCTTCAT CATTTTCATC ATTGTTCCTA TGTAGATTAT 300 TGGACATTTA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAT CTGTAAATGA ATTAGCACTT 360 35 TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAATAGC AAAATGTTTG CTGTTTATAA 420 ANAGATGTAN TGGGGTGGGG GGCAGGGGTA ATTTCAAGTT ATTAATTTAA AAATGAACTA 480 GCAATTTTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTCGGT 540 ATGTAAAAA GGGTTAGTGG TATTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACTCC CTCTGTGTCC 600 TGTTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTTGA ATACCAGACC TTACTGTAAA 660 40 AAATAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA AATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720 TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAAAGAA CTTAATTCGG 780 CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTT TCCTCATTGG 840 CCTGTTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAAATGCA CACTTTACAA AATTGATATT 900 TAACACTTAC CCACTCCCCT TTCCCCATCT CTTCTACCGC TCTTGTTGAT CGTGGTATCT 960 GATCTTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020 TACAAAAACA AGCCAGCAAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTTGCTTCC CTCTCTTCCT1080 AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAGAT GAGTCATACA1140 TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTC AAATTGAAAG CAACATCTTA1200 ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAAACAGGT GAGAAAAAA TTTATAACTG1260 50 TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320 TGTTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTTGG TTTTCTATTT1380 TAACACTGAA GGAGTGAAAG TATTTCCTAT ATTTATGAAT TTACTACTAA AATCTTGGCA1440

	AAAAAAGAAA	AAAATTGTCT	AACGTGTGTG	GGTGAAAACT	GTTAATCAAG	TGTTTCTACT1500
	CCCCCCGAA	AATCCCCTGA	AAGTTGGACA	CCAACTGTAT	ACCCTAGGTT	GCTTAAAGGG1560
	ATTTCACTAT	TATATAAAGT	CAATAAAAAT	GAAGTAGTTG	TATATATGCA	ACATTGTGTA1620
	CAGAGGGGAA	ATAATGAATA	GTATTAAAGA	AACATTCTCG	TCTTCCTTTA	CCTTTAATCC1680
;	CCTAATACCT	AGTCTACTTT	TTAAATTTTC	AGACTŢCACT	GCTTTTTGAA	TTCATAATTC1740
	TAATTTTCAC	ATTATTGTTA	ATGGAAAATC	ATATCTAATA	AAGGTTTTAG	TTATTCCCAT1800
	GCACAGTATG	AAAATTCTCA	TTTGCTGAGG	TTTTGTTTCA	AGAAAATGTA	TTGGCATGTC1860

- 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:
  - (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
    - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
    - (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

30

15

5

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60 EGAPYCEGCY TDTLEKCNTC GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120 NRPHCVPDYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180 ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:
- 35 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 45 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67
- 50 AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPGVVADEV PHOGKCGWGR RLPGVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120 HVPVQPVRVS\_ADRPADTPAP\_SPSKDLLSHP (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68: 5 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 15 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68 LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69: 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja— — — (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69 SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60 IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDSWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180 45 182 TK (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70: (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren 50

_	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	•
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70	
15	PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK 25	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:	
,	<ul><li>(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71	
	DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF	56
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:	
	<ul><li>(A) LÄNGE: 291 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

\_\_\_\_(vi) HERKUNFT:\_\_\_ (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGWS SAYSIESVIM240
QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

# 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

35

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTT 253

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja

,5

10

15

20

25

30

35

40

50

	•
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75	
EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK	SMFLLYDTOK 60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:	*.
<ul><li>(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82	*.
MHRDSCPLDC KVYVGNLGNN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAR DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPR FSRSRSRSLS RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRS NERK	F VEFEDPRDAA 60 P PRRRSPRRRS 120 164
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:	
<ul><li>(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	

45 (vi) HERKLINET

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

10

15

20

25

30

35

40

EAALTLCHLL SSWVSLESLT LSYNGLGSNI FRLLDSLRAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60 PILELTRAIV RALPLLRVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120 XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90: (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90 EDGADGAFYP DEIQRPPVRV PSWGLEDNVV CSQPARNFSR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPPNYDQS KFEEHVESHW KVCPMCSEQF 120 PPDYDOOVFE RHVQTHFDQN VLNFD (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91: (A) LÄNGE: 282 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91 DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60 KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120 ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180

RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

50

	KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK 282	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:	
5	(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92  MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60	
25	RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR 92  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:	
30	(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  (B) TYP: Protein  (C) STRANG: einzel  (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93	
45	WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60 TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120 LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140	)
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:	
50	(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren	

	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
		•
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT:	•
•	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97	
15		51
	FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSFWA V	31
	· · · · · ·	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:	,
20	Y.,	
	(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(II) MOLLINGET IT COM	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30		
	(vi) HERKUNFT:	•
	-(A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98	
		53
	FFLYSFPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPFGQ FDH	33
	·	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:	
	(A) 1 PAIGE FO A via a silveran	
	(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
45	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
5		
	4 % CTOLIEUT DECOLIDEDUNG OFO ID NO 00	•
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99	
	PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG I	F 52
10	PPCVILALA LPMLLVLVIII SLYDLSSLSS ÄIPLYGUISS SLAUPÄLÄSS 7	
ı	•	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:	
	(2)	
	(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren	
15	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(b) for occore. modi	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
•	(II) MOLLINGET IT . OIG	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(III) TITE OF ILL TISSIT. Ja	
•	(vi) HERKUNFT:	
36	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(A) ONOAMOMOS: MENOOM	
	•	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100	
	(XI) SEQUENZ-BESCHNEIBONG, SEQ ID NO. 100	•
30	PFSSSVSFFG TAPSCLLEGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR K	LLCONPGKD 60
	PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK D	STLRLKVPK120
	AA	122
	(C) INTORMATION FIRED OF OUR NO. 404.	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:	
35	(A) 1 X 1105 - 400 A	
	(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren	
•	(B) TYP: Protein	•
•	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
40		•
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
	,	
•	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45		
	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101	

		•		
LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN NSGQPLLPAD LNKGCAIVFY FIILLLLLWS CLRSGL	KYLRLENRKS LSLAKFLFPF	TIHTKCSLQE PGHRGPVFKR	FHSEAEGAKS1	60 20 26
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	102:			
<ul><li>(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				•
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•	,	•	
(iii) HYPOTHETISCH: ja				
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH				
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	Q ID NO: 102			
IDFEGKERGK GOGRDTPPLP LSWAQKLGGG TPLLRSFIQK NIS	RERIFTFKL	LFSEWNKLGQ	GAQALSSVPH	60 73
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	103:	·		
(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		•		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			/	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	:		·	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH				
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SI	EQ ID NO: 103	3		
ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG	KGFLHFLNCY	FLNGTSWAKG	PRPCPLSLTP	60

LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS\*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFGG SVGGGTFCGV 120

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA

5	<ul><li>(A) LÅNGE: 116 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104		
	CRPTIFTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGG VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR		60 16
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:		
25	<ul><li>(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	,	•
35	(A) ORGANISMUS: MENSCH:		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105		
40	RMGKEALMSW RRDPPHTLSW WA		22
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:		
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		•
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	•
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109	
10	GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1	60 120 65
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:	
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111	
35	PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL	3
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:	
40	(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
<del>-</del> -J	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

5	ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G	31
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:	
10	<ul><li>(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	,
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113	
۵	KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS HLGAHCR	60 67
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:	
35	(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH:	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114	
50	GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSCYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAF LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTI QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLDRETEEI LADVLKVEVE	120

	TVADQVLV G PETT	SYCVFSNQG	GLVHPKTSIE	DQDECLSFQV	PCCGDVNEAL	SDSWDVYNVS	240 246
(2)	INFORMAT	TION ÜBER	SEQ ID NO: 1	116:			
	(B) TYP: (C) STR	GE: 72 Am : Protein ANG: einzel OLOGIE: lin		·			
	(ii) MOLEKÜ	ULTYP: ORF	:			•	
(	iii) HYPOTH	IETISCH: ja			·		
:	(vi) HERKUI (A) ORG	NFT: GANISMUS:	MENSCH				
	(xi) SEQUE	NZ-BESCHF	REIBUNG: SE	Q ID NO: 116			
	YNLSPQFT ( FVTMTASR M		SANPAMQLDR	FIQVCTQLQV	LTEAFREKDT	AVQGNIRLSF	60 72
(2)	INFORMAT	TION ÜBER	SEQ ID NO:	117:		٠.	
	(B) TYP (C) STR	GE: 35 Am : Protein ANG: einzel POLOGIE: lir	I				
	(ii) MOLEKÜ	ÜLTYP: ORF	:				
(	(iii) HYPOTH	IETISCH: ja					
:	(vi) HERKU (A) ORC	NFT: BANISMUS:	MENSCH				
	(xi) SEQUE	NZ-BESCHI	REIBUNG: SE	EQ ID NO: 117	•		
Eŀ	THRCSDQL 1	RLATVSNSVA	SKREVYLCPA	IGHLG			35
(2	) INFORMA	TION ÜBER	SEQ ID NO:	118:			
	/A\1 ÄK	IGE: 40 An	ninosäuren				

	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118
15	ATLWLAKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK
••	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
25 ·	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119
	QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
5	*		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120		
10	LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAV FSFWASRICW VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I		60 120 161
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:		·.
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	4	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
1	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		٠.
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121	. *	,
	FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE		49
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:		•
	<ul><li>(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
,	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122		•

	KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF	•		25
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:	•		
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			:
	(iii) HYPOTHETISCH: ja			
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	•		
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12	23		
	WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF			25
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:			
	<ul><li>(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	. *		
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			
	(iii) HYPOTHETISCH: ja			
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH			
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12	24		
45	WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPR NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPG CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQ	G RGCDRPRADH	SGSTDRELEW AAPPQEAGVQ	60 120 160
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:			
50	(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren (B) TYP: Protein			

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
, 5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128	
15	FFFPCQPFIG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTDATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG GRMVARDTES LVLGLWLS	60 78
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:	
	(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129	٠.
	CALLPPTPSR TEPSLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL	60 110
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:	
	(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
45	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠.
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	•
5		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130	
10	SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC	60 L02
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:	
15	(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131	
30	LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R	<b>31</b>
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
35	(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
50	(vi) SEQUENZ-RESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132	

20

25

30

35

40

45

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120 FHEHLKAGEF POPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133: (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133 FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYNTA 60 LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPGVFV 120 ANLTEWKRON ITNOLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH 180 LGSSAGKRYS PQFVKAAKLI HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWYIPDPTGK FNLIRRYTEI 240 SNIK (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134: (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(vi) HERKUNFT:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50 PSFIIHSNPI WLGALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60 PVV

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:	•
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
0	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	1
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	,
. <b>5</b>	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
••	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135	
20	DYLRLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI LAIPNPLPR	60 69
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:	
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	. •
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136	
	QPFRYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP	47
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
50	(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	

	(2) INFORMATION OBER SEQ ID NO. 143.	
5	(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143	
20	SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK	44
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:	
25	(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
30	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	*
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144	
	NPPNDKVSEI QTSLHSICEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY CKLHFSS	60 67
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:	•
50	(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	ė .

	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT:
10	(A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145
15	KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLYKV AYKLESELVO 60 SPFTF
. = :	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:
20	(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146  KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM 55
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:
40	(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
45	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
		.:	
5.	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147		•
	IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI	DQESLERLFR KVH	60 113
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:		
- 15	(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148	•	
30	MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR	QNAFSKDLKT	8
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:		
35	(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		

	VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF (HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSRS SANWERLRQG TLRRDLRGII 12 NRGLEDGESW EYQI	60 20 34
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	
10	(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	,
•	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152	
25	INTO I MADO CONTRACTOR OF THE PROPERTY OF THE	60 99
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:	
30	(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154	
	VILLIAMINI IIIIMOVOIR IRIIMAMINI OLIMBOOLIN IIIMOOLIN IIIMOOLIN IIMOOLIN II	52
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:	
50	(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren	

	(B) TYP: Protein  (C) STRANG: einzel  (D) TOPOLOGIE: linear		
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155		
15	FFFLLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI		
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:	·	
20	(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156		
	ISCNVRLEKI WYLGYFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK		
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:		
	(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren		
45	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja		

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
. 5		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157	
10	NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC IEFKTL	60 66
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:	
15	(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(D) TOPOLOGIE. Inteat	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158	
	PCCEVLAGVG NVWKCSQQVC WGV	23
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:	
	(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
40	(D) TOPOLOGIE: linear	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159	

	EGGEQVY	67
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:	
10	(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	,
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160	
25	EGEPACSGIQ ARRVTPCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA	60 108
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161	•
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR	20
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:	

	(A) LANGE: 61 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
<b>5</b>	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162	
	IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV	60 61
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:	
25	(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163	
40	LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC	22
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:	
45	(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
50		

	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164
10	TSGQRLQTHT YIHAHKISAV EEWAWNQTSV SSKKLLH 37
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165
30	TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60 RCLSEQSVAI SR 72
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:
35	(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168		
	LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY		25
. 5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169		- 1
10	(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel		
	(D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
20	<b>:</b>		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169		
25	LKLLAWSYLH SFCVLFASCI		20
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:	'%	
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170		
45	LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS		32
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:		
50	(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren	•	

	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		· (:
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		:
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171	•	
15	IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFLHLIN	. •	50
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:		
	(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel		
25	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		· .
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172		
	EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y		51
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:		
40	<ul><li>(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ia		

	( A) LIEDVI INET					
	(vi) HERKUNFT:	C. MENCOLI		•		
	(A) ORGANISMU	5. MENSUR	•			
	:				·	
					. •	
	(xi) SEQUENZ-BESC	HREIBUNG: SE	Q ID NO: 173	ı		
•	LFIHFRNNTN NWREIPEN	LM DOYSEVNAIS	TACSNGVPEC	EEMVSGLFKQ	WMENPNNNPI	60
	HPNLRSTVYC NAIAOGGE	EE WDFAWEOFRN	ATLVNEADKL	RAALACSKEL	WILNRYLSYT	120
	INPULIEROD ATSTIISI	TN NVIGOGLVWD	FVQSNWKKLF	NDYGGGSFSF	SNLIQAVTRR	180
	FSTEYELQQL EQFKKDNE	ET GFGSGTRALE	QALEKTKANI	KWVKENKEVV	LOWFTENSK	239
			•			
	(2) INFORMATION ÜBE	ER SEQ ID NO:	183		•	
					•	
	(A) LÄNGE: 109 /	Aminosäuren				
	(B) TYP: Protein			•		
	(C) STRANG: ein	zel		-		
	(D) TOPOLOGIE	linear				
	(-)				(i)	
	(ii) MOLEKÜLTYP: C	RF				
	() = = = =		:			
	(iii) HYPOTHETISCH	ja 💮		•		
	•					
	(vi) HERKUNFT:					
	(A) ORGANISMU	S: MENSCH				
	:					
			CO ID NO: 102	1		,
	(xi) SEQUENZ-BESC	HREIBUNG: St	:Q ID NO: 103	•	•	
	YANQSSSLRF KIKYKLLO	FS THSGSIVPEP	DCYFFILNII	<b>FPHLICLPLI</b>	HRHLEKEMGG	60
	CLLSLSLCFV PVVRLAAS	VA RWAWLEPWVR	QVAGGDRERL	RGKWWHLLL		109
	(2) INFORMATION ÜB	ER SEQ ID NO:	184:			
			غو			
	(A) LÄNGE: 33 /	Aminosäuren	-			
	(B) TYP: Protein		• .			
	(C) STRANG: eir					
	(D) TOPOLOGIE	: linear			,	
	(:) MOLEKÜLTYD. (	)DE				
	(ii) MOLEKÜLTYP: (	NCE			•	
	(iii) HYPOTHETISCH	: ia			•	
		. ju		;		
	·		•			
	(vi) HERKUNFT:					
	(A) ORGANISMI	JS: MENSCH	•			٠.
	<b>V</b> 7					

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184		
5	SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR	33	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:		
1 <b>0</b>	(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185	1001	
25	HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV	46	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:		
30	(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren (B) TYP: Protein		
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
.0	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186		
45	VEGTCSDGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT HGSNQAHRAT DAASLTTGTK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR	60 105	
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:		

5	(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187	
20	RGHAVTEYLV GSLLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRAV NATTSLSASP CPRQPPASPT ALTKPTEQLT LPV	60 73
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	
25	(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT:- (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188	
	MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFPK	28
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	
	(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
50	(C) STRANG: einzei (D) TOPOLOGIE: linear	٠.

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189	
15	LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR HKTVI	60 65
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:	
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
•	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190	
<b>35</b> .	CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY	30
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:	
40	(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
50	(vi) HERKUNFT:	

(A)	ORG/	MSINA	JS: N	MENS	CH
-----	------	-------	-------	------	----

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

10

5

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIPIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFGVI

29

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:
  - (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
- 35
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMVTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN

10

15

20

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	194:			
<ul><li>(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		·		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja				
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :				
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	Q ID NO: 194	ľ		
TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL KPPSHWMGST VENSNQNREL MAVHLKTLLK	KKSAFLTEVS	KSKYNLPLTK QKENYAGAKF	ITSAKRNENN SDPPSPSVLP	60 120 153
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	195:			
(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	¥)			
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja				

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSKFN ESGQLSAFYL 60
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFSTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240
MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300
EKSS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

s۸

5	<ul><li>(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201	
20	KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPSHT KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 6 RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFEE 12 ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPGK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL 18 SLAHSKLKAD FEKFERRV 19	0
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:	
	<ul><li>(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202	
	VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG	55
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:	
50	(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
10	4 IN ACCULANT RECOURSEDUNG, OCO ID NO.003	:
•	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203	
15	SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG EGAFKK	60 66
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:	
20	(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204	
35	HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET S	60 120 161
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:	
40	(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT: _(A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205	
	LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIKLQLL	37
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:	
10	(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	·
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206	
23	ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG	32
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:	
35	(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207	
50	CMLQINLYFF PLGFSKNTTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE	60 102

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:	
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	;
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208	
20	VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP	34
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:	
	(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	٠
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209	
	VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP	43
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:	
	(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
50	(D) TOPOLOGIE: linear	

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	, .	•
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210		
15	DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECLNH NLTIFFDVKG KMYMEFPQLY NNSVVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG FIFVMMDILL DWSMHNILWY LCGISAFLMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF	KPRYDTFWKH	120
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:		
	(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214		
	SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI	•	33
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:		
	<ul><li>(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ia		

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215  NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST T  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:  (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: (vii) SONSTIGE HERKUNFT:		(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST T  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:  (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergesteilte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:			
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:  (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215	
(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:			60 61
(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:	
(iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	15	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  45  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:		(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(A) ORGANISMUS: MENSCH  (Xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  (A) LÄNGE:1880 Basenpaare  (B) TYP: Nukleinsäure  (C) STRANG: einzel  (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT:  (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216  PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  45  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:		·	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:  (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:		PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF	24
(A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:	
hergestellte partielle cDNAs  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  (vi) HERKUNFT:  (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	35	(A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN  (iii) ANTI-SENSE: NEIN  45 (vi) HERKUNFT:  (A) ORGANISMUS: MENSCH  (C) ORGAN:		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
45 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	40	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:		(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	45	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
		(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	

### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

5						
	CGCCGGGGGC	CGGGGGCGGC	CCAGGGGGGG	GCCCGGGGCC	GGGGCCCTGC	CTGAGGCGAG 60
	AGCTGAAGCT	GCTCGAGTCC	ATCTTGCCAC	CGCGGCCACG	AGCGCTTCCG	CATTGCCAGC 120
	GCCTGCCTGG	ACGAGCTGAG	CTGCGAGTTC	CTGCTGGCTG	GGGCCGGAGG	GGCCGGGGCG 180
	GGGGCCGCGC	CCGGACCGCA	TCTCCCCCA	CGGGGGTCGG	TGCCTGGGGA	TCCTGTCCGC 240
10	ATCCACTGCA	ACATCACGGA	GTCATACCCT	GCTGTGCCCC	CCATCTGGTC	GGTGGAGTCT 300
	GATGACCCTA	ACTTGGCTGC	TGTCTTGGAG	AGGCTGGTGG	ACATAAAGAA	AGGGAATACT 360
	CTGCTATTGC	AGCATCTGAA	GAGGATCATC	TCCGACCTGT	GTAAACTCTA	TAACCTCCCT 420
	CAGCATCCAG	ATGTGGAGAT	GCTGGATCAA	CCCTTGCCAG	CAGAGCAGTG	CACACAGGAA 480
	GACGTGTCTT	CAGAAGATGA	AGATGAGGAG	ATGCCTGAGG	ACACAGAAGA	CTTAGATCAC 540
15	TATGAAATGA	AAGAGGAAGA	GCCAGCTGAG	GGCAAGAAAT	CTGAAGATGA	TGGCATTGGA 600
	AAAGAAAACT	TGGCCATCCT	AGAGAAAATT	AAAAAGAACC	AGAGGCAAGA	TTACTTAAAT 660
	GGTGCAGTGT	CTGGCTCGGT	GCAGGCCACT	GACCGGCTGA	TGAAGGAGCT	CAGGGATATA 720
	TACCGATCAC	<b>AGAGTTTCAA</b>	AGGCGGAAAC	TATGCAGTCG	AACTCGTGAA	TGACAGTCTG 780
	TATGATTGGA	ATGTCAAACT	CCTCAAAGTT	GACCAGGACA	GCGCTTTGCA	CAACGATCTC 840
20	CAGATCCTCA	AAGAGAAAGA	AGGAGCCGAC	TTCATTCTAC	TTAACTTTTC	CTTTAAAGAT 900
	AACTTTCCCT	TTGACCCACC	ATTTGTCAGG	GTTGTGTCTC	CAGTCCTCTC	TGGAGGGTAT 960
	GTTCTGGGCG	_GAGGGGCCAT	CTGCATGGAA	CTTCTCACCA	AACAGGGCTG	GAGCAGTGCC1020
	TACTCCATAG	AGTCAGTGAT	CATGCAGATC	AGTGCCACAC	TGGTGAAGGG	GAAAGCACGA1080
	GTGCAGTTTG	GAGCCAACAA	ATCTCAATAC	AGTCTGACAA	GAGCACAGCA	GTCCTACAAG1140
25	TCCTTGGTGC	AGATCCACGA	AAAAAACGGC	TGGTACACAC	CCCCAAAAGA	AGACGGCTAA1200
	CCCTGGAGTA	TCACCCTTCC	TCCCTCCCCA	GGCACCACTG	GACCAATTAC	CTTTGAATGC1260
	TGTATTTGGA	TCTCACGCTG	CCTCTGTGGT	TCCCTCCCTC	ATTTTTCCTG	GACGTGATAG1320
,	CTCTGCCTAT	TGCAGGACAA	TGATGGCTAT	TCTAAACGCT	AAGGAAAAA	AACAAACACA1380
	GAACTGTTTC	AAGTACTCAA	GACTGACTTA	CAGACCAACC	AACCACCTTG	CTGGAACCCT1440
30	TGCTAGCAGG	CATTCTTATA	AAAGAAACTT	TCGAGCCTCC	TTATATTGCT	GGAAACTCAG1500
·					TTTTAATTTA	TTTTCTCTTA1560
		ACTGCTTTTT				AAAAAATGTA1620
	TCTTTGGGAA	AACAATTACA	GTTTGTTAAT			TCATCTTTAT1680
	TTTTATTCGC	ACATCCCACC	CCATCCCCTG	GAACTACTTG	GGGAGGTGGG	GAGGGGTACG1740
35	AGTCCACTGT	TGGCTTGGTA	GGAGATGAGA	GGCCGCATTT	GCTGCTTAAG	CAAGGGGAAC1800
			GGTGCCCCCG	GATTTTTCCT	CAAGGGCTCT	GGAGCAACGG1860
	CACCGGCCCC	TTGGGATGCA			•	1880

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i)-SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:---

(A) LÄNGE:1024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

10	GCGGTCGGTA	GTGCGGCGCT	GTTTAAAGAT	GGCGGCGGAG	GAACCTCAGC	AGCAGAAGCA	60
		GGCAGCGACT					120
•	GCTCAGCAGG	ACCGAATTCA	GCAAGAGATT	GCTGTGCAGA	ACCCTCTGGT	GTCAGAGCGG	180
	CTGGAGCTCT	CGGTCCTATA	CAAGGAGTAT	GCTGAAGATG	ACAACATCTA	TCAACAGAAG	240
	ATCAAGGACC	TCCACAAAAA	<b>GTACTCGTAC</b>	ATCCGCAAGA	CCAGGCCTGA	CGGCAACTGT	300
15	TTCTATCGGG	CTTTCGGATT	CTCCCACTTG	GAGGCACTGC	TGGATGACAG	CAAGGAGTTG	360
		AGGCTGTGTC					420
		TTGAGGATTT					480
		TCGCCGACCT					540
		TGCGGCTGCT					600
20		AGGGTGGACG					660
		GCGACCACAT					720
		ACATGGACCG					780
	GGCTCCGAGC	CCAAGGTCTA					
	TAGGGCTGGC					CTAGACATGT	
25	ACAGAGGTTT					TGTCACATGA	
	CCCCCCCCA	TGTTTTATTA	AAGGGGGTGC	TGGTGGTGAA	AAAAAAAAA		
	AAAA						1024

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2383 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

	•					•
	CCCTTCATTA	AAGCCCTCCT	AAATATAACT	CTTCTGTATC	AAAGGACTTA	CAAATGTCTC 60
	AAGAAAGTAA	TGGTGTAGCA	GTGTAAGAGA	AGTAAAAGTC	TGCTAGGGGA	AACTAATGAA 120
	GCATTTTCCT	CATTACACTT	TTGGGTTGAT	ATATTTCATT	AAGACAGAAC	TAGTTCTGTT 180
5	TTGCTTTGCT	TTTTAGTGCT	TAGTCTGAGA	GGCAATGCGA	GAAACCAAAA	GTCTTAGGAG 240
	AAAAACTGCT	TTCATAATTT	CCAGTGTAAG	CCACAAAGAA	GCTTTTCTAT	AAAGGCTTGA 300
	AAGCTTGAAG	AGGTGACAAG	AGCAAGCTGT	<b>ATTCAATTAG</b>	ACAGTTCAAT	AAATATGCAA 360
	AAATAAAAA	ACACTTATCA	<b>ATCATGAGTA</b>	TACTGTTTGT	ATTCTGGAAA	AAGCAACATA 420
	TTTCATGCTT	TGAATATTTT	<b>CTCTTGAGAA</b>	TAGTTTTAAA	GTTATTTCCT	TTTGTAACAT 480
- 10	TCAAAAGTAA	AACACACATA	TATAATTCCA	TCAAGGATTC	TCTGTATGAT	TAACATTCTG 540
	TACAAGTCAA	ACATGACCAC	<b>ATCTATATTG</b>	GAAAGAGAGC	ACTGAGAAGC	AACAGCAGGA 600
	GAATGCATCA	CCTGTGCCTG	TTTCAGGATG	AACAGTTTTG	TTAAGTTCAG	CAGATGAATG 660
	TAACAATGAC	CACTTGTTTC	CAAATACCCA	GATGTTTCTT	ACTGGCTCCT	CACTAATCAA 720
	TAACACAAGT	GCTAAGTTCT	<b>AAGTATTTAA</b>	AAAAACAAAA	GACTGCAGGT	GACTCCTTCT 780
15	CTCTGGTCCC	TTTACCAAAG	CTCCAAATCA	CTTATGACAT	TAATTACAAT	ATTCTGCACT 840
	CCAAAAAAAT	ATGCAAACAC	AGGTTTGCTA	AATTTTAGTT	ACTCAGTGAA	CCTACTAAAT 900
	TTTAAAGTAG	AAAAAAGACT	TACATTCTCA	TGACACAAAC	TTTAGTTTTC	ACATTCACCA 960
	AAACATTTTA	AAATCACTCA	AACATGAGAA	TTGAAAATGT	GTGTGCTTAT	TTGGGAGAGG1020
	ATTACTGCAT	TTATTCTCCA	GAAAAAAAGG	CAGACCTGAG	GCATCACATT	ACCGGAACAT1080
20	TTAAATATGA	TGACATGTTT	CTTATCTTCT	AAACTTCAAC	GAAAGCTGCT	TGTACAAACT1140
	ATTTAATGCA	TATCTGCCCC	-ATTAAACAAG	-ATATTTGATG	-TAGCAGAGAA-	GCCAGAAGCT1200
	GAGTCACTTC	ATTTCTTTCT	GTTGCCTCCA	GTTGCCAGCA	TAGTTGCAAC	TCGCATAAAT1260
	ATATTTAATG	TATCCATGTA	GATACTCAGC	ATCGAGTTAA	TGGGATCATA	TTTTTGAACT1320
	CCATACATTG	GTGATACTTC	TGCACGCTTG	ATTACTTTCT	GGGTATCATA	CAGAAGGAAC1380
25	ATGCTGAAAA	GAACTAATCC	ACCGTACATT	GCCACTGAGT	AAAGAGTGGC	ACCAGCCACG1440
	GGTGGTAGGT	GGAAGAAACA	TAGATCCCAA	TGAGGACACA	AAGACGAGAC	CCAGGCCCAC1500
•	TCCCAGGGGT	GCACCCATGT	TCAGAAACTT	TTCACTGGGC	GCACACATGG	CCACAGTGGA1560
	GAGGCCTCCC	ACAATGCCAG	CTGTGTACCA	TGCAGCTCTG	ATGAGAAGAG	GACCCCCTAA1620
	TATTGTCAGA	GGAGCCACCA	CTGCACCCAT	CACACCAGAA	TGTAGCAACC	AAGCAAGATG1680
30	CTTTGGGCCT	GGGCTCTGGT	CATATGGTAT	TGATCGTACC	AGCATTCCAG	CTCCAACCAT1740
	GGCTGCAAAG	GTCACACCAA	TTGTCACCCA	AGAGCCTCTC	ATCATGAAGT	TCATGAGAAC1800
	AGGCGTTCTG	CTGATTGCTA	TGGCAGACAA	AGCTGTTAAA	CCAATACTCC	CTGCTAAGTA1860
	CATATAGGTG	GAATGAATTC	TATCCTTGAC	ATACTGAGGC	CAAATTACAG	CCTTTTCAAT1920
	AGCTCCAATC	TCATTAGACA	GTCCCAAGCC	ATAGTAGCAC	AATGCTCCAA	GACCAACAGC1980
35	AGCCCCTCCA	GCAACAAACC	ATCTTCCCAT	CTGATCAATT	TTAAATATTT	TTTCCATCGA2040
	TGGTTCCAAT	GCTGCCTCTT	TGAGTTCTTG	GCCAGTTCTC	TCAUGCUGA	TCCCAATTCT2100
	TGTTTTGGTG	GCATATTCCC	TGCTAGGTGT	TAACAGCCAI	ACCCUACAAC	TGATGGAATT2160
	-CTTCACAACA	GGGGAGGCCT	TGGTGAAAGC	TOGGIGGWAY	ACCCTAGAAG	GTAGTGTCCG2220 GAGCAGATCT2280
40	GAGACACACC	AGCCTTGCAG	ACCUMACATGGT	CCCACMMMCC	CAGGICIACC	CCTAGCGTCG2340
40	GAAATGCTCG		TCCGGCGCAC	TECATETICE	AAC CIICCGGGCC	2383
	GCCTCAAAGA	GUACAGTTCC	TUUGGUGCAC	TOCHTGICGC	AAC	2505

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:3210 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

	GCAAGGCCTA	CTGTCGGCTG	GGAGGGGAGG	TGTAGCCGGT	CTTTGGGGGT	AGGCGGTAGT	60
	GGCGGAAGAG	GTTCGGCGGC	TGATGGCGGA	TCAGGATCGG	AAGCCTGCGT	AACTTTCTCC	120
15	CTTGATCCGG	GAGTCTTTCC	ACTGGATTCA	CAATGACATC	CTTTCAAGAA	GTCCCATTGC	180
	AGACTTCCAA	CTTTGCCCAT	GTCATCTTTC	AAAATGTGGC	CAAGAGTTAC	CTTCCTAATG	240
	CACACCTGGA	ATGTCATTAC	ACCTTAACTC	CATATATTCA	TCCACATCCA	AAAGATTGGG	300
	TTGGTATATT	CAAGGTTGGA	TGGAGTACTG	CTCGTGATTA	TTACACGTTT	TTATGGTCCC	360
	CTATGCCTGA	ACATTATGTG	GAAGGATCAA	CAGTCAATTG	TGTACTAGCA	TTCCAAGGAT	420
20	ATTACCTTCC	AAATGATGAT	GGAGAATTTT	ATCAGTTCTG	TTACGTTACC	CATAAGGGTG	480
	AAATTCGTGG	AGCAAGTACA	CCTTTCCAGT	TTCGAGCTTC	TTCTCCAGTT	GAAGAGCTGC	540
	TTACTATGGA	AGATGAAGGA	AATTCTGACA	TGTTAGTGGT	GACCACAAAA	GCAGGCCTTC	600
	TTGAGTTGAA	AATTGAGAAA	ACCATGAAAG	AAAAAGAAGA	ACTGTTAAAG	TTAATTGCCG	660
	TTCTGGAAAA	AGAAACAGCA	CAACTTCGAG	AACAAGTTGG	GAGAATGGAA	AGAGAACTTA	720
25	ACCATGAGAA	AGAAAGATGT	GACCAACTGC	AAGCAGAACA	AAAGGGTCTT	ACTGAAGTAA	780
	CACAAAGCTT	AAAAATGGAA	AATGAAGAGT	TTAAGAAGAG	GTTCAGTGAT	GCTACATCCA	840
	AAGCCCATCA	GCTTGAGGAA	GATATTGTGT	CAGTAACACA	TAAAGCAATT	GAAAAAGAAA	900
	CGAATTAGA (	CAGTTTAAAG (	GACAAACTCA A	AGAAGGCACA	ACATGAAAGA (	GAACAACTTG	960
	AATGTCAGTT	GAAGACAGAG	AAGGATGAAA	AGGAACTTTA	TAAGGTACAT	TTGAAGAATA	1020
30	CAGAAATAGA	AAATACCAAG	CTTATGTCAG	AGGTCCAGAC	TTTAAAAAAAT	TTAGATGGGA	1080.
	ACAAAGAAAG	CGTGATTACT	CATTTCAAAG	AAGAGATTGG	CAGGCTGCAG	TTATGTTTGG	1140
	CTGAAAAGGA	AAATCTGCAA	AGAACTTTCC	TGCTTACAAC	CTCAAGTAAA	GAAGATACTT	1200
	GTTTTTTAAA	GGAGCAACTT	CGTAAAGCAG	AGGAACAGGT	TCAGGCAACT	CGGCAAGAAG	1260
	TTGTCTTTCT	GGCTAAAGAA	CTCAGTGATG	CTGTCAACGT	ACGAGACAGA	ACGATGGCAG	1320
35	ACCTGCATAC	TGCACGCTTG	GAAAACGAGA	AAGTGAAAAA	GCAGTTAGCT	GATGCAGTGG	1380
	CAGAACTTAA	ACTAAATGCT	ATGAAAAAAG	ATCAGGACAA	GACTGATACA	CTGGAACACG	1440
	AACTAAGAAG	AGAAGTTGAA	GATCTGAAAC	TCCGTCTTCA	GATGGCTGCA	GACCATTATA:	1500
	-AAGAAAAATT	-TAAGGAATGC	-Caaaggetee	-AAAAACAAAT	-AAAGAAACTI-	-TCAGATCAAT	1200
	CAGCTAATAA	TAATAATGTC	TTCACAAAGA	AAACGGGGAA	TCAGCAGAAA	GTGAATGATG	1620
40	CTTCAGTAAA	CACAGACCCA	GCCACTTCTG	CCTCTACTGT	AGATGTAAAG	CCATCACCTT	1740
	CTGCAGCAGA	GGCAGATTTT	GACATAGTAA	CAAAGGGGCA	AGTCTGTGAA	ATGACCAAAG	1000
	AAATTGCTGA	CAAAACAGAA	AAGTATAATA	AATGTAAACA	ACTCTTGCAG	GATGAGAAAG	1060
	CAAAATGCAA	TAAATATGCT	GATGAACTTG	CAAAAATGGA	GCTGAAATGG	AAAGAACAAG	1030
	TGAAAATTGC	TGAAAATGTA	AAACTTGAAC	TAGCTGAAGT	ACAGGACAAT	TATAAAGAAC	1000
45	TTAAAAGGAG	TCTAGAAAAT	CCAGCAGAAA	GGAAAATGGA	AGATGGAGCA	GATGGTGCTT	2040
	TTTACCCAGA	TGAAATACAA	AGGCCACCTG	TCAGAGTCCC	CTCTTGGGGA	CTGGAAGACA	2100
	ATGTTGTCTG	CAGCCAGCCT	GCTCGAAACT	TTAGTCGGCC	TGATGGCTTA	GAGGACTCTG	2100
	AGGATAGCAA	AGAAGATGAG	AATGTGCCTA	CTGCTCCTGA	TCCTCCAAGT	CAACATTTAC	2220
	GTGGGCATGG	GACAGGCTTT	TGCTTTGATT	CCAGCTTTGA	TGTTCACAAG	AAGTGTCCCC	2220
50	TCTGTGAGTT	AATGTTTCCT	CCTAACTATG	ATCAGAGCAA	ATTTGAAGAA	CATGTTGAAA	2200
	GTCACTGGAA	GGTGTGCCCG	ATGTGCAGCG	AGCAGTTCCC	TCCTGACTAT	GACCAGCAGG	2340
	TGTTTGAAAG	GCATGTGCAG	ACCCATTITG	ATCAGAATGT	TCTAAATTTT	GACTAGTTAC	2400
	TTTTTATTAT	GAGTTAATAT	AGTTTAGCAG	TAAAAAAAAA	AAAAAAAAAC	CACACCTAAA	2400
	ATAGACCACT	GAGGAGACCA	. TAGAGCGGAT	GCTTTCATGC	ACCCTTTACT	GCACTTTCTG	2520
55	ACCAGGAGCT	ACTTTGAGTT	TGGTGTTACT	AGGATCAGGG	TCAGTCTTTG	GCTTATCAAT	2580
	AAATTTTAAT	CTCTGTTAAT	CTTACCTGCT	' ТТААААААААА	GTTCTTGTGT	GTTCGTATCT	<b>∠</b> 640

15

30

					ATTTCAATGT2700
TACTGCACTG	AAAAACGTGT	ATGTATTAGT	GTGCTAGATT	ATTTAGCAGA	ATATTCACAA2760
GTTTCTGTTG	ACCTTGTTGA	TTGAGCATGA	CTACTAAATA	TTATGTAATA	AAAAGCATTT2820
GTCATAACAG	TCTTATGAAG	TAGTTCTTCG	AATATAGAAA	GTTCTATAAT	TTAGCCCATG2880
					CACATGCTTT2940
					TTTTATGGCA3000
					TGTATATATC3060
CTAATGGGGA	AATGGGGCAA	GGGATTGTCA	GTATAATTGT	TTTCCCGATT	AAATGGTCCC3120
CATAACCAGG	GGGTGTTTGT	GGCATAAAAA	TCCATAGGGT	<b>ATATAGCAGG</b>	ACCTTTTTTG3180
	TGGGGATTTA		•		3210

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1030 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

CCGCTTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CGGTGTTCGC CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120 GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240 40 CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300 TTCTCTTAAC TACAGTGACT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360 TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTTG 420 CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTTACGC 480 TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540 45 AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600 AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660 CAGGATTCTT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720 GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAACTGT 780 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840 50 TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAAAGTA TCTCAGCTCA 900 ACTGAAGAAC AACAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960  AAAAAGTTTT 1030

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1216 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - -- (vi) HERKUNFT:-
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT GGACAACTGT TACTGTTCTT CCGTGGCCAA CCATGGCGGC CACCAGCCCT ACCCCCGCTC CGGCCACTTT CCCTGGACAG TGCCCTCGCA GGAGTACTCA CACCCGCTCC 120 CGCCCACACC CTCCGTCCCC CAGTCCCTTC CCAGCCTGGC GGTCAGAGAC TGGCTTGACG 180 30 CCTCCCAGCA GCCCGGCCAC CAGGATTTCT ACAGGGTGTA TGGGCAGCCG TCCACCAAAC 240 ACTACGTGAC GAGCTAACGC CACGCAGGCG GCGGGGCGCT GGGGAATCTT CCTCCCCAGC 300 CCCCGGGCTC\_GGGAGTTATG\_CATCCAGAGA CCTGCCCTTC TACCTTCCTC GCCTCCCTC 360 TTCCTCATTC CATTGCCCCA GGTCTTTTCC TTTTGGATTT TGTTTTGGTT TTGGCTTTGT 420 TTTTGATTTT TTTTTATTAT GAATCTCCTG GACGCAGAGG TGACAGTGGG AGCTGGCCTG 480 GGCCAGGACG GCAGGTGGCC CTGGAGATGG GAAAGTGTCT GTGTCGAGGC GCTGAGCTCT 540 CTCTCTGTTT CTCCTTTTTT CCTCTACTCC TTCCCCTTCA CACCCCCGTG GCTGGAAGGA 600 ACCTCGGCTT CCCTGAAAGC TTGGGGGTCC CACCCTTCTT ACCCCACCCG GGAGGAACGC 660 CCAGGGCCCC GGGCTTGTTT CTCCTCTTGT TTTCCTTTTG GGCAGTTTGA TCACTGATCG 720 AGTAAGGAAT GACCTTTAGA TTGTGCGACT TTTGTTTTTG TTTTTTTAAA TTTTTTTAAA 780 40 CCAAGAATGA TTTCTCCTGC TTCCTTCTCC TCACCATCTT CCCAGACGGA GTTCAAAGGC 840 CACTTCTCAA GCAGCTTTTG GCACCTTCAG CCTCAGAGTG GAATCTTTTA AAGACAGGAC 900 CCCTATGTCC AGGAAAGGG AAAAGGAACT TTGCCAATGA TAGTGACCAC AGCAAAAGCA 960 ATAAAATAAT AAAATAAAAA ACAATAGCAC AGCCCTTGTT GAGGTCAGCA GGGAGGAGGG1020 GCTGCCCGGA GTTGGGTCCT TGCCTGGATT TTGACACAGC AACTTCCTGT AGTGAGCACT1080 45 TTGTATGAAT CGTGGACTTC CTGTTCTCAA GGCGCAGGTA TTTATTCTGT ATCTGTCTAG1140 AGCACACCC AAAATCCAAC CTTCTAATAA ACATGATGGC GCAGTCCCAA AAAAAAGAAA1200 CAGAAGAAGA AAAGGG

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:2369 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

	CGGGCGCCCG	GGCCAGAGTC	CGGCCGGAGC	GGAGGAGCCC	GGCCCCAGGG	ACAGCTCGGC	60
	CGTCATTACT	CAGATCAGCA	AGGAGGAGGC	TCGGGGCCCG	CTGCGGGGCA	AAGGTGACCA	120
	GAAGTCAGCA	GCTTCCCAGA	AGCCCCGAAG	CCGGGGCATC	CTCCACTCAC	TCTTCTGCTG	180
25	TGTCTGCCGG	GATGATGGGG	AGGCCCTGCC	TGCTCACAGC	GGGGCGCCCC	TGCTTGTGGA	240
,	GGAGAATGGA	GCCATCCCTA	AGACCCCAGT	CCAATACCTG	CTCCCTGAGG	CCAAGGCCCA	300
	GGACTCAGAC	AAGATCTGCG	TGGTCATCGA	CCTGGACGAG	ACCCTGGTGC	ACAGCTCCTT	360
	CAAGCCAGTG	AACAACGCGG	ACTTCATCAT	CCCTGTGGAG	ATTGATGGGG	TGGTCCACCA	420
	GGTCTACGTG	TTGAAGCGTC	CTCACGTGGA	TGAGTTCCTG	CAGCGAATGG	GCGAGCTCTT	480
30	TGAATGTGTG	CTGTTCACTG	CTAGCCTCGC	CAAGTACGCA	GACCCAGTAG	01010000	540
	GGACAAATGG	GGGGCCTTCC	GGGCCCGGCT	GTTTCGAGAG	TCCTGCGTCT	TCCACCGGGG	600
	GAACTACGTG	AAGGACCTGA	GCCGGTTGGG	TCGAGACCTG	CGGCGGGTGC	TCATCCTGGA	660
	CAATTCACCT	GCCTCCTATG	TCTTCCATCC	AGACAATGCT	GTACCGGTGG	001001001	720
	TGACAACATG	AGTGACACAG	AGCTCCACGA	CCTCCTCCCC	TTCTTCGAGC	AACTCAGCCG	780
35	TGTGGACGAC	GTGTACTCAG	TGCTCAGGCA	GCCACGGCCA	GGGAGCTAGT	GAGGGTGATG	840
	GGGCCAGGAC	CTGCCCCTGA	_CCAATGATAC	CCACACCTCC	TCCCAGGAAG	ACTGCCCAGG	900
	CCTTTGTTAG	GAAAACCCAT	GGGCCGCCGC	CACACTCAGT	GCCATGGGGA	AGCGGGCGTC	960
	TCCCCCACCA	GCCCCACCAG	GCGGTGTAGG	GGCAGCAGGC	TGCACTGAGG	ACCGTGAGCT	1020
	CCAGGCCCCG	TGTCAGTGCC	TTCAAACCTC	CTCCCCTATT	CTCAGGGGAC	CTGGGGGGCC.	1080
40	CTGCCTGCTG	CTCCCTTTTT	CTGTCTCTGT	CCATGCTGCC	ATGTTTCTCT	GCTGCCAAAT.	1140
	TGGGCCCCTT	GGCCCCTTCC	GGTTCTGCTT	CCTGGGGGCA	GGGTTCCTGC	CTTGGACCCC	1200
	CAGTCTGGGA	ACGGTGGACA	TCAAGTGCCT	TGCATAGAGC	CCCCTCTTCC	CCGCCCAGCT.	1260
	TTCCCAGGGG	CACAGCTCTA	GGCTGGGAGG	GGAGAACCAG	CCCCTCCCC	TGCCCCACCT	1320
	CCTCCCTTGG	GACTGAGAGG	GCCCCTACCA	ACCTTTGCCT	CTGCCTTGGA	GGGAGGGGAG.	1380
45	GTCTGTTACC	ACTGGGGAAG	GCAGCAGGAG	TCTGTCCTTC	AGGCCCCACA	GTGCAGCTTC	1440
	TCCAGGGCCG	ACAGCTGAGG	GCTGCTCCCT	GCATCATCCA	AGCAATGACC	TCAGACTTCT	1500
	GCCTTAACCA	GCCCCGGGGC	TTGGCTCCCC	CAGCTCTGAG	CGTGGGGGCA	TAGGCAGGAC	1560
	CCCCCTTGTG	GTGCCATATA	AATATGTACA	TGTGTATATA	GATTTTTAGG	GGAAGGAGAG	1620
	AGGGAAGGGT	CAGGGTAGAG	ACACCCCTCC	CTTGCCCCTT	TCCTGGGCCC	AGAAGTTGGG	1680
50	GGGAGGGAGG	GAAAGGATTT	TTACATTTTT	TAAACTGCTA	TTTTCTGAAT	GGAACAAGCT	1740
	GGGCCAAGGG	GCCCAGGCCC	TGTCCTCTGT	CCCTCACACC	CCTTTGCTCC	GTTCATTCAT	1800
	TCAAAAAAAC	ATTTCTTGAG	CACCTTCTGT	GCCCAGCATA	TGCTAGGCCC	ACCAGCTAAG	1860
	TGTGTGTGGG	GGGTCTCTAC	GCCAGCTCAT	CAGTGCCTCC	TTGCCCATCC	TTCACCGGTG	1920
	CCTTTGGGGG	ATCTGTAGGA	GGTGGGACCT	TCTGTGGGGT	TTGGGGATCT	CCAGGAAGCC	1980

CTGCTGGCTG TCCTAACATG GGGGACCCAC CCCCAGAGCG TAAGTGCCTT	GGGGCAGCTC GCGATTCCGG ATACCAGTGC GGTGGGCGGG CTCTGTGACT	CCAGGATATC AGGTCAAGGC CAAGGGGGAT GGGTGAATAT GAGAGCCCTA	CTGCCTTCCA CTTGGGCTCT GTCAAGTGGT GGTTGGCCTG	ACTGTTTCTG CCCCAGGGTC GATGTCGTTG CATCAGGTGG	GCCTGATCCC2040 AAGCCCCTCC2100 TAACGGTTAA2160 TGCTCCCCTC2220 CCTTCCCATT2280 AAAGCCAGAC2340
TAAGTGCCTT	CTCTGTGACT AAAAAAAAAA	GAGAGCCCTA	GTGTGATGAG	AACTAAAGAG	AAAGCCAGAC2340 2369

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:849 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

	CGAAACGTGC	GCAGGCGCCG	GCCGCTGCGC-	TGCAGATGGC	GGAAATGGAT	CCGGTAGCCG	60
35	AGTTCCCCCA	GCCTCCCGGT	GCTGCGCGCT	GGGCTGAGGC	CCTTCTGCGA	TGTTTTACCT	120
<i>33</i>	GGCTGCGGCT	GTGTCAGATT	TCTATGTTCC	TGTCTCTGAA	ATGCCTGAAC	ACAAGATCCA	180
	GTCATCTGGG	GGCCCACTGC	AGATAACAAT	GAAGATGGTG	CCAAAACTGC	TTTCTCCTTT	240
	GGTTAAAGAT	TGGGCTCCCA	AAGCATTTAT	AATTTCCTTT	AAGTTGGAGA	CTGACCCCGC	300
	CATTGTAATT	AATCGAGCTC	GGAAGGCTTT	GGAAATTTAT	CAGCATCAAG	TGGTGGTGGC	360
40	TAATATCCTT	GAGTCACGAC	AGTCCTTTGT	GTTTATTGTA	ACCAAAGACT	CGGAAACCAA	420
70	GTTATTGCTA	TCAGAGGAAG	AAATAGAAAA	AGGCGTAGAG	ATAGAAGAGA	AGATAGTGGA	480
	TAATCTTCAG	TCTCGACACA	CAGCTTTTAT	AGGTGACAGA	<b>AACTGAAGTA</b>	AAAAGCCCTT	540
	ATAGGATCAA	AAATTGTTCA	GGGCTCTTAG	<b>AGATGGTGAA</b>	AACTACAAAA	AAAACCATGG	600
	CTTTCATATG	GACAGATAAA	ATGAAAGAGA	GGGAAAAGGC	AGTGGTGTGT	AGGCAAATAT	660
45	GGTTTGGCAT	TTGTCTTTTA	ATGACACCTG	ATATGATGTC	ATTTTGATTT	TGAAATTGAA	720
43	CACTAGAACT	GTTAATCACC	TTTAAAAAGG	AAGAGCTTAT	TGGGGATTAT	ATATTCCTTA	780
	AAAATATACA	TEGEGGCCTG	AATGTCAGCC	ATCTGTATAC	TGTGGGGAAA	AGGGGTTTGG	840
	GTGCAATTC						849

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1502 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

	CCTTACCGGC	AGGGCTGCCC	AGGAGCTGCA	GGACAAGCAC	CAGGAGCCCC	TCCGGGTAGC	60
	TACTACCCTG	GACTCCCCTC	TGGAACTCCA	GGAGGACCAT	ATGGCGGTGC	AGCTCCCGGG	120
	GGCCCCTATG	GTCAGCCACC	TCCAAGTTCC	TACGGTGCCC	AGCAGCCTGG	GCTTTATGGA	180
25	CAGGGTGGCG	CCCCTCCCAA	TGTGGATCCT	GAGGCCTACT	CCTGGTTCCA	GTCGGTGGAC	240
	TCAGATCACA	GTGGCTATAT	CTCCATGAAG	GAGCTAAAGC	AGGCCCTGGT	CAACTGCAAT	300
	TGGTCTTCAT	TCAATGATGA	GACCTGCCTC	ATGATGATAA	ACATGTTTGA	CAAGACCAAG	360
	TCAGGCCGCA	TCGATGTCTA	CGGCTTCTCA	GCCCTGTGGA	AATTCATCCA	GCAGTGGAAG	420
	AACCTCTTCC	AGCAGTATGA	CCGGGACCGC	TCGGGCTCCA	TTAGCTACAC	AGAGCTGCAG	480
30	CAAGCTCTGT	CCCAAATGGG	CTACAACCTG	AGCCCCCAGT	TCACCCAGCT	TCTGGTCTCC	540
•	CGCTACTGCC	CACGCTCTGC	CAATCCTGCC	ATGCAGCTTG	ACCGCTTCAT	CCAGGTGTGC	600
	ACCCAGCTGC	AGGTGCTGAC	AGAGGCCTTC	CGGGAGAAGG	ACACAGCTGT	ACAAGGCAAC	660
	ATCCGGCTCA	GCTTCGAGGA	CTTCGTCACC	ATGACAGCTT	CTCGGATGCT	ATGACCCAAC	720
	CATCTGTGGA	GAGTGGAGTG	CACCAGGGAC	CTTTCCTGGC	TTCTTAGAGT	GAGAGAAGTA	780
35	TGTGGACATC	TCTTCTTTTC	CTGTCCCTCT	AGAAGAACAT	TCTCCCTTGC	TTGATGCAAC	840
	ACTGTTCCAA	AAGAGGGTGG	AGAGTCCTGC	ATCATAGCCA	CCAAATAGTG	AGGACCGGGG	900
	CTGAGGCCAC	ACAGATAGGG	GCCTGATGGA	GGAGAGGATA	GAAGTTGAAT	GTCCTGATGG	960
	CCATGAGCAG	TTGAGTGGCA	CAGCCTGGCA	CCAGGAGCAG	GTCCTTGTAA	TGGAGTTAGT	1020
	GTCCAGTCAG	CTGAGCTCCA	CCCTGATGCC	AGTGGTGAGT	GTTCATCGGC	CTGTTACCGT	1080
40	TAGTACCTGT	GTTCCCTCAC	CAGGCCATCC	TGTCAAACGA	GCCCATTTTC	TCCAAAGTGG	L140
	AATCTGACCA	AGCATGAGAG	AGATCTGTCT	ATGGGACCAG	TGGCTTGGAT	TCTGCCACAC	L200
	CCATAAATCC	TTGTGTGTTA	ACTTCTAGCT	GCCTGGGGCT	GGCCCTGCTC	AGACAAATCT!	L260
	GCTCCCTGGG	CATCTTTGGC		CCCTCTGCAG	CTGGGACCCC	TCACTTGCCT:	
	GCCATGCTCT	GCTCGGCTTC	AGTCTCCAGG		CACCTCTCCC	TGCCAATACT:	1380
45	TTTTTTAATT	TGCATTTTTT	TTCATTTGGG		CAGTGAAATT	GTAAGCTTCA:	
	ATAAAAGGAT	GAAACTCTGG	AAAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAAAAAAA		
	AA				•		1502

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1892 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

20 CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTTCCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG TGTATTCAAC ATTGTCTGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120 CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180 GTTGGCTCTG TGTCAGTTTT CCACTCAGTG TTAACTACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240 CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300 25 AAGCACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360 TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420 AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480 TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATTCTTG GCATAATAAT CAGCTACATA 540 CAAATCACAT ATAGTTTAAT CTTTTTTAAT GGAAAAAAA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600 30 GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660 ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTC TAATTTATAT 720 AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTTCTTC 780 TCTCCCTCTA TGAATTCTTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTTGAGA GGCAATTGGC 840 AATTTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTTGGT CAAATCTTGA ATTTCGTTGT TGCACTCTAG 900 TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960 GCTTATTGTG GTTAGTGTGT ATCAGGAACA CACACAGG TGTTCTGACC AGCTCAGGCT1020 TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAGTT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080 TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCTT1140 TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAACTCAGC TGTGGGTTTT TTGTGGGTTC1200 40 TTGTTTGTTT TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTTTT TTTAACCCCC AGCCCCTCAA1260 AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTG1320 AGCAAAATCT GGAAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT ATACTATCTG AAATGTGATT1380 TGTTAAGATT CTTAAATTTG GGCCTCTTAG AATAATTTTG AATGAGATCT ACCGACTCAC1440 TTGTGAGAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCCTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTTTG1500 45 TCCCCCTGTT GGTACATTTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560 GGGTGTTTTT TGGAATCATT TGCTGAGTCA TTTTCTCAAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620 TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680 GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740 GTAGTGCAAT GAATTTTAT TTTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800 АА АААААААА АААААААА АААААААА

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1522 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

25	CAGGAGTGCG	GACCAGCGGG	TGCCTGTAGT				60
	CGCCCCAGG				TCTCATCCCC		120
	ACCCTGGAGA	CACAGCCGCA	GAGCAGCCCC	TTCTCATGCA	TGGACCTCAC	CTACGTCAGC	180
	CTGCTACTCC	AGGAGTTCGG	CTTTCCCAGG	AGCAAAGTGC	TGAAGCTCAC	TCGGAAAATT	240
	GACAATGTTG	AGACCAGCTG	GGCTCTGGGG	GCCATTTTTC	ATTACATCGA	CTCCCTGAAC	300
30	AGACAGAAGA	GTCCAGCCTC	ATAGTGGCCG	AGCCATCCCT	GTCCCCGTCA	GCAGTGTCTG	360
	TGTGTCTGCA	TAAACCCTCC	TGTCCTGGAC	GTGACTTCAT	CCTGAGGAGC	CACAGCACAG	420
	GCCGTGCTGG	CACTTTCTGC	ACACTGGCTC	TGGGACTTGC	AGAAGGCCTG	GTGCTGCCCT	480
	GGCATCAGCC	TCTTCCAGTC	<b>ACATCTGGCC</b>	AGAGGGCTGT	CTGGACCTGG	GCCCTGCTCA	540
	ATGCCACCTG	TCTGCCTGGG	CTCCAAGTGG	GCAGGACCAG	GACAGAACCA	CAGGCACACA	600
35	CTGAGGGGGC	AGTGTGGCTC	CCTGCCTGTC	CCATCCCCAT	GCCCCGTCCG	CGGGGCTGTG	660
	GCTGCTGCTG	TGCATGTCCC	TGCGATGGGA	GTCTTGTCTC	CCAGCCTGTC	AGTTTCCTCC	720 ·
	CCAGGGCAGA			CTGGGAGGCG		TCCTGGCTGC	780
	TCTGGGGAAG	CCGAGGGACA	GCCATAACAC	CCCCGGGACA	GTAGGTCTGG	GCGGCACCAC	840
	TGGGAACTCT	GGACTTGAGT	GTGTTTGCCT	CTTCCTTGGG	TATGAATGTG	TGAGTTCACC	900
40	CAGAGGCCTG	CTCTCCTCAC	ACATTGTGTG	GTTTGGGGTT	<b>AATGATGGAG</b>	GGAGACACCT	960
	CCTCATAGAC				AGCATGGGCG	GATGCCGGGC:	1020
	ATGAGCTGCT	GTAAACTATT		CTGCTTGAGT		TCGTGTGGGT	
	GCCAAGTGCT	TGTGTAGAAA	CTGTGTTCTG	AGCCCCCTTT	TCTGGACACC	AACTGTGTCC:	1140
	TGTGAATGTA	TCGCTACTGT	GAGCTGTTCC	CGCCTAGCCA	GGGCCATGTC	TTAGGTGCAG	1200
45	CTGTGCCACG				CTCTCGGTGT		
	CATCCGCCCA				AGTGTGAGCC		
	CATCCTGCTC				TTGAGCTGCT		
•	TACAGTGCCC				CCAATAAAAG		1440
		AAAAAAAACT	CGAGCGGAAC	GAGCTCACTT	TCTTCTAGCT	GAGCTTTAAA	1500
50		TTAAATTTTC					1522
20	MCWI INGNOC	TINNATITIC	AG			*	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2016 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

5

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

• '	GAGAAAATGG	AGGCCTTTGG	GGAAGGGGCA	GGGTGGGAGG	ATTTCTTCTC	CACACAGACC	60
25	TTAACCTTCC	AATCTATTCT	GCAGATGAAG	AATGCCGACT	ACTTCTCCAA	CTATGTCACA	120
	GAGGACTTTA	CCACCTACAT	TAACAGGAAG	CGGAAAAACA	ATTGCCATGG	CAACCACATT	180
	GAGATGCAGG	CCATGGCAGA	GATGTACAAC	CGTCCTGTGG	AGGTGTACCA -	GTACAGCACA	240
	GAACCCATCA	<b>ACACATTCCA</b>	TGGGATACAT	CAAAACGAGG	ACGAACCCAT	TCGTGTTAGC	300
	TACCATCGGA	ATATCCACTA	TAATTCAGTG	GTGAATCCTA	ACAAGGCCAC	CATTGGTGTG	360
30	GGGCTGGGCC	TGCCATCATT	CAAACCAGGG	TTTGCAGAGC	AGTCTCTGAT	GAAGAATGCC	420
	ATAAAAACAT	CGGAGGAGTC	<b>ATGGATTGAA</b>	CAGCAGATGC	TAGAAGACAA	GAAACGGGCC	480
	ACAGACTGGG	AGGCCACAAA	TGAAGCCATC	GAGGAGCAGG	TGGCTCGGGA	ATCCTACCTG	540
	CAGTGGTTGC	GGGATCAGGA	GAAACAGGCT	CGCCAGGTCC	GAGGCCCCAG	CCAGCCCCGG	600
	AAAGCCAGCG	CCACATGCAG	TTCGGCCACA	GCAGCAGCCT	CCAGTGGCCT	GGAGGAGTGG	660
35	ACTAGCCGGT	CCCCGCGGCA	GGGAGTTCAG	CCTCGTCACC	TGAGCACCCT	GAGCTGCATG	720
	CTGAATTGGG	CATGAAGCCC	CCTTCCCCAG	GCACTGTTTT	AGCTCTTGCC	AAACCTCCTT	780
	CGCCCTGTGC	GCCAGGTACA	AGCAGTCAGT	TCTCGGCAGG	GGCCGACCGG	GCAACTTCCC	840
	CCCTTGTGTC	CCTCTACCCT	GCTTTGGAGT	GCCGGGCCCT	CATTCAGCAG		900
•	CTGCCTTTGG	TCTGAATGAC	TGGGATGATG	ATGAGATCCT	AGCTTCGGTG	CTGGCAGTGT	960
40	CCCAACAGGA	ATACCTAGAC	<b>AGTATGAAGA</b>	AAAACAAAGT	GCACAGAGAC	CCGCCCCCAG:	1020
	ACAAGAGTTG	ATGGAGACCC	AGGGATTGGA	CACCATCTCC	CAACCCCAGT	ACTCCTGCTC	1080
	TCCGGTGCCA	CCTCACCTTC	TTTGGCTTCT	TCCCTCTTGC	CTCCTTCTGT	TCTTTCTGCT	1140
	CTCCCCTCTT	TTCCCTCCTC	CTCACTTCCC	TCTGGCTAGC	CCACCCCTGC	ACTCTCTCTC	1200
	ATTGCCGCTG	CCACTATCAC	CTGTCTCTCT	GCCAGCTGAT	GTGCCCTGTT	GCCCCCCACC	1260
45	CCATCCCGCA	CAGAACCATC	CCTGCATTCC	ACAGGGGACT	CGGGCAAGGG	TGCCGAAGAT	1320
	AGACAAGAGG	CACACAGAGA	CAGACCAACT	GGCAGCCAGG	CAGCCCCAGA	GGAGAGAGAC	1380
	ATTCAGACAG	AGGAAAGTCT	CCCTGCCCCT	CATTCCTTCC	AAGATGAGAA	AAACTTGCCG	1440
	CCACCCCCG	ACACTGATGC	CAGGGAGGTG	GGAGGAAGAA	GTGGGAAATT	TCCCTTCCCA	1500
	GTACCCCCAA	GAACGTCTGA	GCCTTCAATG	TTGAATTTTT	TCTTTATTAA	AATTACTTTT	1560
50	ATCTTATAAA	ATCAACTAAT	CAAAAATGAT	ATAGACGACA	GCACTGGCTC	TGTGAAGGTG	1620
	GCATCTTTCT	GGGCAGGCAG	GCCATGGGGC	ATGGAGGAGG	GTGCAAAGAT	ATGGGTTGCT	1680
	GTCTTCTGGC	CTCCAGCTGC	ATGGAGGCCG	GCCCAGGGTC	TAGGGTGTGC	ACTGGGCAAG	1740
	GGCAGGGCGG	CAGGTGTCAG	GCCGGCTTGG	ACAATGAAAC	CCTGACCTTG	CTGCATTCCT	1800
	TTTGCTTCCA	CCACCACTAG	CTTCTTTGGA	ATCTTGGGGT	GGGGGTCATC	TTTGGGGATT	1860

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920 CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCTTGGC ACAATAAAAC1980 CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAA AAAGAC 2016

- 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:765 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
    - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
    - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

10

15

25

45

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30	GGCTTCCGGT CCGTTGCAAA	CGGGAGGGTC CATTTTTAAA	CGCCAGCTCT GGGCTGGTTA	CGCGTCCTTT TTCTTCCTGA	CACAACCCGC GCTGGGTCCA AATGAGTTTG CAGTAAGATC	GACACCGGTT GTGATTAGAA	60 120 180 240
35	GGAGGATTTT TTCAGCACAT CATTTCATGA ATTTGGGAGA	AGGAGTGCAG TAATAGAATC GCATCTGAAA CATTTTCCTA	AAATTTGACC TACAGAGATA GCAGGTGAAT GGAGTGGAGT	TGGGGATCAT GAAATGTCCC TTCCCCAGCC ATATCTTCCA	CTGTGTTGAC AACCGATGTG TGATTTTCCA TCAGTGTAAA	AACAAGAATA CTTTCTTTTC GATGACTACA GAAAATGAAG	300 360 420 480
40	CACACGGCAC AGCTGGGCCG GCTGAGGGCC	GGAGGCAGAG ACGCACGGGG	TGGCAGCAGA ACCCGGCTGC TGAAAGCGGG	TGTTCCAGAA AAGCCCTGAC ACGCGGGAGG	CTGTCACTTG GGAGAAGGCG CCGGGGCCTC GGTGGAGGCT AAAAA	GTGCTGGACG TTCGGAGGGA	540 600 660 720 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1611 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:
- CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTTAAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120 TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTTGCTCTC TTCTTACTGG 180 20 TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTCAG 240 GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300 GGAGACAAGA GGAGATTCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360 TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480 25 TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540 CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600 TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660 TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720 ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780 30 ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840 TTAATCCTGG AGTTTTTGTT GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACTAACC 900 AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960 GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTTG1080 TARAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140 CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200 TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAAACAG AATTTGAACT GTAAGCAAGC1260 ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT1320 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAACTGCC1380 40 CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT1440 ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT. ATGGCTAGTT1500 CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC1560
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:1473 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG AACGGCAGCG AGGAGGCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCCC AACAGCAGGT ATCCCAATAG 120 20 CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTCC CTTCCTTTTG 180 GGGGTGGGG AGGAACTCAC GGAGCCAAAG GTACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC 240 CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA 300 CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA 360 GGTCCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT 420 ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTTC TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG 480 25 AACCCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG 540 GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCCAGGG 600 GTGGAAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT 660 GCTTTGGAAA TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT 720 CTGGCTTCTG CCAAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT 780 30 TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT 840 CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC 900 TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA ACACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC 960 ATCTCTCCAA GCTGAACTTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG1020 GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGGAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCCTCCT TGCCCGCAGC1080 35 TTCGAGAGCT GTGCCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCACTGCT1140 -GCGGGGAGAC-TGGCTGCTGCTACCTACTACT-ATGAGCTCTG-GTGGTTCTGG-CTGCTCTGGA1200 CTGTCCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAACTCAGGC1260 TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAAATCA ACTTGTTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG1320 GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTTCACTGC TTGACCTTCG CTTCCTCAGC ACCTTCAAGC1380 40 CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTCACCGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG1440 GCCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTTCAA GTG 1473

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

45

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2503 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

-5

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15 GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120 AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180 GAATATCTTA GATGATTTTA GAGAAGCTTA CTTTTGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240 TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300 20 TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360 GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420 GGTTATTTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480 GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCGG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540 ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCCTACT TTGTTGAATT GCCTTATGTA 600 25 TAAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCCAGGTTT 660 TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATTCAAAC ATTTGGAAGA 720 AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780 GGAGACATTA GATCACAAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAAACAGA-AGTATTTGTC 840 AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAGG 900 30 CAAGAAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960 TGTCCTTGTG AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020 ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTTAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080 AATAAAATTG GCTTGTTGAG AACAGCTGTT TTCGATTTCT AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140 ACTGCTGTAA\_ATGTCTAGCA GCAGATTTTT\_TTTTTATTGG TACATATTAT CCTTCAAATC1200 TGAGAATTTG GACTAACTGC ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCCTGGC ACATGCATAC1260 TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGCATTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320 TATGTAAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380 GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440 TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTCATCAAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500 40 TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560 TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTTACAGAGC1620 AGATTTCATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680 ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740 GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800 45 TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAAGACT TGTAACAACT TTGCCTGGAC TTTTTTCATT1860 TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920 AAGCATTTGA TGAAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAAAAATGT1980 GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAAAATGTA AATGGAGATT GAACAAGTTC ACTTTCCAGC2040 TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100 50 GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACCA2160 CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220 CAATATTCAG TGAGAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATTCTTTGA2280 TTTATAGAAT TCATTTTTGA CCCAGATGAT GGTTCCTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340 ACATTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400 55

TTTTATTTTA CTTTGTTGCT TTAAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGTTGACT GTAGGGGAAA2460
TAAAGTTAAT TCAAATTTTG-AAAAAAAAAAAAAAAAGTCG-ACG 2503

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

-- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

5

10

15

20

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

	AAGCAACCTC	GTTTATGTCT	TATCTTTGCA	TTTTCCTGTA	TTCAGCTATT	TTCTTAAAGG 60
30	AAGGCCCAGG	TCTGTATTAT	CCTACTGCCA	CATAGGAAGT	AAAATGAGTA	CTCACAGCCT 120
	TGCGCCTAAT	CACTGAACAC	AGCTTTTAGT	<b>AATGTTTTAC</b>	ACAAGAACAG	GATATTGGCA 180
	ACTCAACTGT	TAAGCCTTTC	TGTGATTATT	CTTCCTTGAG	ATCACTCTGA	TGTCACCAGT 240
	GTAATTTGAG	CCTGGAGCTT	.TTGTTCACAC	TTTAAATAGC	AGTCCCAGAA	TGATTTCACT 300
	ACAGACTCTC	TGGAAAGCCT	GGGAGCTGAA	TTCCGGAAGA	TCCCCACATC	GATGAAAGCA 360
35	AAGCGAAGCA	CCAAGCCATC	<b>ATCATGTCCA</b>	CGTCGCTACG	AGTCAGCCCA	TCCATCCATG 420
	GCTACCACTT	CGACACAGCC	TCTCGTAAGA	AAGCCGTGGG	CAACATCTTT	GAAAACACAG 480
	ACCAAGAATC	ACTAGAAAGG	CTCTTCAGAA	ACTCTGGAGA	CAAGAAAGCA	GAGGAGAGAG 540
	CCAAGATCAT	TTTTGCCATA	GATCAAGATG	TGGAGGAGAA	AACGCGTGCC	CTGATGGCCT 600
	TGAAGAAGAG	GACAAAAGAC	AAGCTTTTCC	AGTTTCTGAA	ACTGCGGAAA	TATTCCATCA 660
40	<b>AAGTTCACTG</b>	AAGAGAAGAG	GATGGATAAG	GACGTTATCC	AAGAATGGAC	ATTCAAAGAC 720
	CAAGTGAGTT	TGTGAGATTC	TAACAGATGC	AGCATTTTGC	TGCTACCTTA	CAAGCTTCTC 780
	TTCTGTCAGG	ACTCCAGAGG	CTGGAAAGGG	ACCGGGACTG	GAAAGGGACC	AGGACTGAAC 840
	AGACTGGTTA	CAAAGACTCC	AAACAATTTC	ATGCCCTGTG	CTGTTACAGA	GGAGAACAAA 900
	ATGCTTTCAG	CAAGGATTTG	AAAACTCTTC	CGTCCCTGCA	GGAAAGGATT	GATGCTGATA 960
45	GAAGAGCCTG	GACAGATGTA	<b>ATGAGAACTA</b>	AAGAAAACAG	ATGGCTGGAG	ATGACATTTA1020
	TCCAGGGTCA	CTTTGTCAGG	CCCTAGGACT	TAAATCGAAG	TTGAACTTTT	TTTTTTTTTT1080
	AACCAAATAG	ATAGGGGAGG	GGAGGAGGGA	GAGGGAGGAC	AGGGAGAGAA	AATACCATGC1140
	ATAAATTGTT	TACTGAATTT	TTATATCTGA	GTGTTCAAAA	TATTTCCAAG	CCTGAGTATT1200
	GTCTATTGGT	ATAGATTTTT	AGAAATCAAT	AATTGATTAT	TTATTTGCAC	TTATTACAAT1260
50	GCCTGAAAAA	GTGCACCACA	TGGATGTTAA	GTAGAAATTC	AAGAAAGTAA	GATGTCTTCA1320
	GCAACTCAGT	AAAACCTTAC	GCCACCTTTT	GGTTTGTAAA	<b>AGGTTTTTTA</b>	TACATTTCAA1380
	ACAGGTTGCA	CAAAAGTTAA	AATAATGGGG	TCTTTTATAA	ATCCAAAGTA	CTGTGAAAAC1440
	ATTTTACATA	TTTTTTAAAT	CTTCTGACTA	ATGCTAAAAC	GTAATCTAAT	TAAATTTCAT1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560 CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620 AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680 TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740 AAAAAAACGG CTCGAG

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 15 hergestellte partielle cDNAs

#### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234: 30

	GCCTAGGATC	CCTGTGACCC	TCAACATGAA	GATGGTGATG	CCCTCCTGTC	AAGGCCTTGA	60
	TTGAGCATGA	AATGAAGAAC	GGGATCCCTG	CCAATCGAAT	CGTCCTGGGA	GGCTTTTCAC	120
	AGGGCGGGC	CCTGTCCCTC	TACACGGCCC.	TCACCTGCCC	_CCACCCTCTG	GCTGGCATCG	180
35	TGGCGTTGAG	CTGCTGGCTG	CCTCTGCACC	GGGCCTTCCC	CCAGGCAGCT	AATGGCAGTG	240
	CCAAGGACCT	GGCCATACTC	CAGTGCCATG	GGGAGCTGGA	CCCCATGGTG	CCCGTACGGT	300
	TTGGGGCCCT	GACGGCTGAG	AAGCTCCGGT	CTGTTGTCAC	ACCTGCCAGG	GTCCAGTTCA	360
	AGACATACCC	GGGTGTCATG	CACAGCTCCT	GTCCTCAGGA	GATGGCAGCT	GTGAAGGAAT	420
	TTCTTGAGAA	GCTGCTGCCT	CCTGTCTAAC	TAGTCGCTGG	CCCCAGTGCA	GTACCCCAGC	480
40	TCATGGGGGA	CTCAGCAAGC			TCTGAGCCGG		540
	GTCCCCACCC	TTCCTGACCT	GTCCTTTTCC	CACAGGCCTC	TGGGGGCAGG	ŢGGCAAGGCC	600
	TGGCCGGGCC	TTCCTTCCTG	GCCTTAGCCA	CCTGGCTCTG	TCTGCAGCAG	GGGCAGGCTG	660
	CTTTCTTATC	CATTTCCCTG			CAGTATTGGA		720
	GCAGCTGGAG	AAAGGGGCCC	AGCCGCTGAC	CCACTCACTC	AGGACCTCAC	TCACTAGCCC	
45	CGCTTTGGGC	CCCCTCCTGT	GACCTCAGGG	TTTGGCCCAT	GGGGCCCTCC	CAGGCCCCTG	840
	CCCCAACTGA	TTCTGCCCAG	ATAATCGTGT	CTCCTGCCTC	CACTCAGCTG	CTTCTCAGTC	900
	ATGAATGTGG	CCATGGCCCC	GGGGTCCCCT	TGCTGCTGTG	GGCTCCCTGT	CCCTGGGCAG	960
	GAGTGCTGGT	GAGGAGGTGG	AGCCTTTTGA	GGGGGGCCTT	CCCTCAGCTG	TTTCCCCACA	1020
	CTGGGGGGCT	GGGCCCTGCC	TCCCCGTTAC	CCTCCTTCCC	TGCAGGCCTG	GAGCCTGTAG	
50	GGCTGGACTG	AGGTTCAGGT	CTCCCCCAG	CTGTCTCACC	CCCACTTTGT	CCCCACTCTA	
	GAGCAGGGAG	GCAGTGGGGG					
	GTGTTTTTCT	TGTTGTGTCC	TGGATTCCGA	TAAAATTAAA	GAAATTGCTT	CCTCAAAAAA	
	AAAAAAAAA	AAAAAAAAGT	CGACGC				1286

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1230 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
- 20

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

	**						
•	ATTCGGCAAC	GAGGTGAGAA	AATCCCTTTT	AAGGCCAAGG	AAAGCTGAAT	GCTAGCAGCC	60
	AGGCCTGTGG	TACTTCCATG	AGAAACCATA	GCAGACAATG	CCCTCCCAAG	TACTGAAATC	120
•	ACACTGGAAT	CCCCCTTGTT	GGGTTCATTT	GATTGTTTAA	CACAGGATGT	GTTGTGTCAT	180
30	TCTGAAGTTT	TTATTTGGGG	CAGAAGTCTT	TATGGAGATG	TAAATGACAG	CGTTTCTGGG	240
	TTATGCATAA	CTTCTCACTG	GTCAGAGACA	CCGGTGTGTC	AAGCATGGAT	ATTGCATTGC	300
	AAGACTTGAA	TCTATAAAAA	TTAGAATCAC	<b>ACAGTCAGTA</b>	CTACAAGCAA	AACAGAGAAC	360
-	CTGAAAGAAG	GTGCACAGAC	TGTAAGAAAA	AACCCAAGTT	TGTGATATTT	CAGTGATTCC	420
	AAAGAACATT	CTAGGTTTTT	TGTTTGTTTT	TTTGTTTTTT	GGGTTTTTTT	TTTTACTGCA	480
35	GAAAATTGGT	GGTATTTTCA	CATTCATAGT	GTTTCTATCC	AATTTCAGTA	CCCACATTTA	540
	ATGAGGAAAA	AATGTTTTAC	CAATGAAGGA	GGAATTCTTA	AATTAGCTGT	AATGTTAGGT	600
	TGGAGAAAAT	TTGGTATTTA	GGGTATTTTC	<b>AAGGTACCAT</b>	CAAATCAGAT	TTCTGTTTTT	660
	TTGTTAAAAA	AAATTTTTTT	AATCAGTATT	GTTTTTACAA	GTAATATACT	TTGAAACTCT	720
	TGAACTAATA	GTCTCAAAAA	CTCTAGAGGA	CAGTCTGAGA	ACACGTATTT	CTATTGTTCT	780
40	AAATAAATAC	ATGTTTTTGA	ATAGTTCAAT	CATGAATTAT	TGACTATGTC	TTCATCAAAA	840
	GTGTTAATCC	CTCTCAGGGT	CTCTGGTGAA	GACCTTCAAG	AGTTTGGTTT	TTTCTCCCAG	.900
	GAAATTGGAA	GGTAGAATTG	TAAATTCATA	GAACTTCTTT	TATAATGGTG	TACCTCAGCA	960
	GCTGCCTTTC	AATTTATGCC	AAGTCCTTAC	AGAGTTTATA	CTTGAATAGT	AAATATGTCT	1020
	TCTGAGTTTT	ACAGTGTCTT	AAACTCAATG	CACATTTTTT	TTTCTTCTTT	TTCCACCCCT	
45	TCTTGTTTGT	AGTTCATTAT	ACCTGTCCTA	TTACAGAACT	GATTTCCTTC	CTGGCTGTAC	1140
••	ATGTTGGGGT	GCTGGATTTT	TTTCCGTGTC	TTTAGTCTTC	GGATACATGT	TCTCTTCTTT	
	AGCTTGTGGT	GAATACAGTA	ATTTGCATTG				1230

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:2328 Basenpaare

\_(B) TYP: Nukleinsäure\_ ...\_

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTACTTTGTG CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120 ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180 CCAGTGAGTC TTCGTCACTC TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240
TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC 300 25 ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360 GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420 TCTCTCTTG TCCTCTCCC CCTCCTGCCC GCCCGCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC 480 TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540 30 AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCGCAG CCTGACTCCC 600 AGGCGCTGAG ATTGTTGCCT GGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660 TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTGC 720 AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC 780 TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTGCA TTGGGCCCTG GGTCATTCAA ACCCAGGTCA 840 35 CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900 CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960 TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAAACAAA1020 ACAAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTCC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG1080 GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAAAATA1140 GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200 CACCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAACC TTATTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260 ATTTTTTTTA CAAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCCTC1320 TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380 TTCATACACT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440 45 GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCCTCCCT ACCCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500 ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG1560 CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620 CCTCGCTCTC TGTTCCAGCA ACCCTGGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG1680 GGAGTGGACC CACCCCAGGG CCTGCTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT1740 50 TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800 GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860 TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTTG1920 TTCCTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCCA1980

CTCCCAGACA	CACACAAGTC	CTCAAAAGTT	TCAGCTCCGT	GTGTGAGATG	TGCAGGTTTT2040
TTCTAGGGGG	TAGGGGGAGA	CTAAAATCGA	ATATAACTTA	AAATGAAAGT	ATACTTTTTA2100
TAATTTTTCT	TTTTAAAACT	TGGTGAAATT	ATTTCAGATA	CATATTTTAG	TGTCAAGGCA2160
CATTACTTAT	TTAGCCACCA	AAAAAAAGTA	TTGTGTACAA	TTTGGGGCCT	CAAATTTGAC2220
TCTCCCTCAA	AAAAAAGAAA	TATATCCTAT	GCAGAGTTAC	AGTCACAAAG	TTGTGTATTT2280
		CTCTGAAGGG			2328
TATGLIACAA	INVIOCCIIC	CICIONAGGG	'AAAAAAAAA		

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1767 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**30** 

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

	TGTGACATTG	TCCTGAGGTT	CATCCGCCTA	AATTATTATT	AGCCATCCCT	TACCAAATAT	60
-	TTCAAACCAG	GCAAATGACT	TCTGGAAGAG	AGAGAAAGGA-	AGGGGAGAGG	GAGGGAGAAT	120
35	ATGAGTAAGC	AAGCAGGGTC	ATATGGTTAA	ACATGGAATT-	TTTTAAAGGA	GTTATTACAA	180
	-GTGGGAGTCA	AATAGAACTG-	TGGTAGAATG	-CTTTGGGTAC-	-AGGAATATGT	TATGCAATAA	240
		AGAAAAAGGG	AATAAGAAGG		ACTAGAGCAG	CTCCCAACAG	300
	TTTGCCTATG	TATTTGCCAG	CACCAAAATT	CGTAGAGTAA	GCCACTTACA	TTTCCACTGC	360
	TAGTATTAAG	GAAAGACAGC	AGTGGTGATT	CTTATAAAGT	GAGTATACAT	TTATTCTTAT	420
40	TCTGATATGT	GAATTTTTCT	TTCACCAGTT	AATTAACTGG	TAATTTGTAA	<b>ACAGTGGGAA</b>	480
	GAAGATTAGA	ACAATTATGG	AGGTACTGAA	TTACACAAGG	AGATTAAAAT	GAAATGAATC	540
	AAACTAACCA	CAAGATAGGT	AGATTGATTC	ATTTCATTTT	AATCTCCTTG	TGTAATTCAG	600
	TACCTCCATA	ATTGTTCTAA	TCTTCTTCCC	ACTGTTTACA	<b>AATTACCAGT</b>	TAATTAACTC	660
	GTGAAAGAAA	AATTCACATA	TCAGAATAAA	AATAAATGTA	TACTCACTTT	ATAAAAATCA	720
45	CCACTGCTGT	CTTTCCTTAA	TACTAGCAGT	GGAAATGTAA	GTGGCTTACT	CTACAAATTT	780
	TGGTGCTGGC	AAATACATAG	GCAAACTGTT	GGGAGCTGCT	CTAGTTACAT	TCCTCCCTTC	840
	TTATTCCCTT	TTTCTCTTCC	TCACTTTATT	GCATAACATA	TTCCTGTACC	CAAAGCATTC	900
	TACCACAGTT	CTATTTGACT	CCCACTTGTA	ATAACTCCTT	TAAAAAATTC	CATGTTTAAC	960
	CATATGACCC	TGCTTGCTTA	CTCATATTCT	CCCTCCCTCT	CCCCTTCCTT	TCTCTCTCTT	1020
50	CCAGAAGTCA	TTTGCCTGGT	TTGAAATATT	TTGTAGGGAT	TGCTTATTAT	ATTATTTTAG	1080
	CTGATGAACC	TCAGGACAAC	GTCTACACAC	ACACACATAC	ATACACGCAC	ACAAAATCTC	1140
	AGCTGTTGAA	GAGTGGGCTT	GGAATCAGAC	TTCTGTGTCC	AGTAAAAAAC	TCCTGCACTG	1200
	AAGTCATTGT	GACTTGAGTA		GATTCCAGTG	AACTTGATCT	AATTTCTTTT	1260
	WIGI CHILLOI			_			

GATCTAATGA	ATGTGTCTGC	TTACCTTGTT	TCCTTTTAAT	TGATAAGCTC	CAAGTAGTTG1320
					GTTTTAAGTA1380
TAGTACCAAT	AATTTCATTA	ACCTGTTCTC	<b>AAGTGGTTTA</b>	GCTACCATTC	TGCCATTTTT1440
AATTTTTATT	TAATTTTATT	TGCTTGAGCA	CACTGATCAA	CCACTGAACT	GCCTTCTTCC1500
ATTGTCCTGC	<b>AATGATATAA</b>	GGGTTACATT	TTTGTGTATA	TGGCTTTCAT	AGTTGGGATT1560
TCAGAGCACT	GATACCAGAT	ATTTTCAGTT	TGTTCTCTGG	GGGAATTTCA	TTTGCATCTA1620
TGTTTTTAGC	TATCTGTGAT	<b>AACTTGTTAA</b>	ATATTAAAAA	GATATTTTGC	TTCTATTGGA1680
ACATTTGTAT	ACTCGCAACT	ATATTTCTGT	AAACAGCTGC	AGTCAAAAAT	AAAACACTGA1740
<b>AAGTTTTCAT</b>	TTTGCAGTGG	AAAAAA			1767

15

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:2311 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

**25** ·

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ-ID NO:-238:-

35							
						-GCAGCGCGTC	
	GCCCGTGCAG	TTCTACAAGG	TGTGCGTGAC	GTGAGTGAGC	GAGAAGTGCC	GTATCGACAC	120
•						AGGACAAGTT	
						TGCTTTTGTG	
40	CGCGTCCAGC	CAGACCAGCA	GCATCGTGGA	GTGCTGGTCC	CTGCGCAAGG	AGGGACTCCC	300
	CGTGAACAAC	ATCTTCCAGC	AGATCTCCCC	CGTGGTTGGC	GACAAACAGC	CCACAATTCT	360
						TGGCGCTGCC	
						CACAGTTCTA	
						TGCACCGGCT	
45						TGGATGAGCC	
•	GGCCATGAAG	CGCCCCCGCA	CCGCGGGCCC	CGCCGTCCAC	TTAAAGGCTA	TGCAGCTATC	660
	GTGGACGTCA	CTGGCCCTGG	TGGGGATTGA	CAGCCACGGG	AAGCTGAGCG	TGCTCCGCCT	720
	CTCACCTTCC	ATGGGCCACC	CGCTGGAGGT	GGGGCTGGCG	CTGCGGCACC	TGCTCTTCCT	780
	GCTGGAGTAC	TGCATGGTGA	CCGGCTACGA	CTGGTGGGAC	ATCCTGCTGC	ACGTGCAGCC	840
50	CAGTATGGTA					AGACCGCTGC	
	CCTGCAGCAG					GCAAGCTGTC	
	GCCCTGCACG	GTGACCCGCG	TGTGCGACTA	CCACACCAAG	CTCTTCCTCA	TCGCCATCAG	1020
	CTCCACCCTG	AAGTCGCTGC	TGCGCCCCCA	CTTTCTCAAC	ACGCCTGACA	AGAGCCCCGG:	1080

```
CGACCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140
    CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200
    CTTGCAGTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260
    CCTGCTGAGG CCGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGGCA TGCTTCGGGA1320
    ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATAC1380
    GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440
    GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500
    CTGCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560
    CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGTCTG CAGTTTGGCC GGGCGCCCAC1620
    GCTGCCTGGC AGTGCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680
10
    CAAGATCGAC CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGAGG AATGCAAGGC1740
    CTGCACCAGG TGCGGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCC AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800
    GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAACTG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860
    CCTCAGCTAC CCCTGAGCCC AGCTGCCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920
    CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980
15
    CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCCGG ACGCCTGCGT GACCAGCAGA2040
    GCTTCTGAGG AAGCCCCTGC CTTTGTCCAG CTGGGCCCGC AGTCCACACA CCACTCTCCC2100
    AGGACCCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACG GCCGGGGGTC2160
    CAGGCGGACC TTGTGGTGAC CCGGCTCGGG CGTCTCCTCG GTTTCCTTGC CTCACCCGCG2220
     GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGGAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280
20
     CGCCCAAGAA AAAAAAAAA AAAAAAAGGG G
```

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN-

(vi) HERKUNFT:

30

35

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAG TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360

	CGTGGCTGAC	ACCCGGCGGC	TGATCACCAA	GCCGCAGAAC	CTGAATGACG	CCTACGGACC 420
		TTCCTCGAGA		CAACCCGCAA		TCGGCCGGGG 480
	CCGCTTCACC	<b>ACTTACGAAA</b>	TCAGGGTCAA	GACAAATCTT	CCTATTTTCA	AGCTGAAAGA 540
	ATCTACTGTT	AGAAGAAGAT	ACAGTGACTT	TGAATGGCTG	CGAAGTGAAT	TAGAAAGAGA 600
5	GAGCAAGGTC	GTAGTTCCCC	CGCTCCCTGG	GAAAGCGTTT	TTGCGTCAGT	TCCTTTTAGA 660
·	GGAGATGATG	GAATATTTGA	TGACAATTTT	ATTGAGGAAA	GAAAACAAGG	GCTGGAGCAG 720
	TTTATAAACA	AGGTCGCTGG	TCATCCTCTG	GCACAGAACG	AACGTTGTCT	TCACATGTTT 780
	TTACAAGATG	AAATAATAGA	TAAAAGCTAT	ACTCCATCTA	AAATAAGACA	TGCCTGAAAT 840
	TTGGCAAGAA	GGGGCAAAAA	CGTGACTATT	<b>AATGATTGAT</b>	AAGCACCAGT	GAAGAAGTTC 900
10	TAACTTTTAG	CATGCTGCAC	AGAAACTGGT	ATAACATGCC	TTCAGTATAC	TAACACTCAT 960
•-	ATGCTCAGTT	TTGTTTTGTT	TTGGCAGTTG	ACAAGAAGTT	AATTTGCTTT	AGTAAAAATC1020
	CCTCATTCCA	GCCTTTCTAT	ATAAATAGCT	CTTTCTTGCT	GTTTTAATGT	GGTGCACACT1080
	ATAGCCTCAC	AAACCTGTTA	TTCCAGTGTA	ATCTGCAGTG	TCGTAACTAA	AGTTACTGGC1140
	TTGGTCTTAT	TTGCACAGTT	TTTGCGTCTT	GTTTGCTTCT	TGCATCTGAT	TAACTAGAAT1200
15	ATTTCTCTTT	CCCCCTTTTA	<b>ATTTGTGATG</b>	TCACTTGACC	CCATTTATGT	GTAGGAGCAC1260
	TACACCATTG	GTTTCCAATA	CTGCACACAT	<b>AAGATACATA</b>	CTTGTGTGCA	GAAAGTATCT1320
	TCCTCCAGGC	TTGTAATACC	CTTCACATGG	<b>AAGATTAATG</b>	AGGGAAATCT	TTATATTCTG1380
	TATAAAAACA	AAAGCAAATT	TATATACTAA	AATCATTTGT	CTAAAAATTT	AAGTTGTTTT1440
	CAAATAAAAA	TTAAAATGCA	TTTCTGATAT	GCACTGATTG	TGTTGCCTCC	AGCTTTTTTT1500
20	GCTCTCTATG	<b>AGTGACTACT</b>	TAAGTCACTT	GTTGAGAGGG		AATTATATAC1560
	TTCTCATTCC	TGTAACTCCA	TTCCCTTTAA	ACAGTGGTGA	TATCAAATAT	ACTTCCATCC1620
	ATTGAATGGG	GTATTTTTAA	CAACAACAAA			ATTGCTTAAG1680
	GCTTATTGAA	TCATTTTGAA	GCACTTTGTG	TATTTGAAAA	CTGCTTTATA	ATCTCATTTA1740
	TTAAAAGGAC	TTTCAAAGAT	AAAACCAAAA	AA .		1772
25					•	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2409 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

```
GCCAGGTGCA GTGGTGTGT CCTGTAGTCT CAGCTATTTG AGAGGCTGAG GTGAGAGGAT 240
  ---CACTTGAGTT-CAGGAGTTCA_AGACCAGCCT_GGGCAACATA_GCAAGTCCCT GGCTCAAAAA 300
    AAAAAAAGTT TCCCATTCAT ATTAACTCCA TCTTTTAAAA ATGTCATGAT TACAAAGTGA 360
    AAAGATTTGG CTTTCTTAGA GGCTCAATCA CAGAGGTGAA AGTGACCTTG GAAATCATAT 420
    ACTCTATCCC CATGTTACAC AGATTAGAAA AACTGAGGTT ATGGCACTGA CTTAGGCACC 480
5
    CCCCAGCAAG GCAACCCAGG GACTACAACT GGCAATCCCA ACTCCTGGGC TAGGGCTTTG 540
    TCTACCTTTT TTTGCATTGG CCTCTTAAAG AGGCAATGAA TACTAATTCC TGGCATCAGA 600
    AAAAAAAAA GGCATGAGGT GGGAGGATTC TTTTTTCCCT GATGGGAAAC AGTGAATAAG 660
    AAAAATCTCA TCATTCGATG GAAGAGGTGA CTTAATAATT TTATTAATGA ATTTGATGTC 720
    CCATGTTTTG TAGTTTTGTT ATCATTGAAC CATTGGGGCT GGAATCTGCC TAAATAATTT 780
10
    TATCTTGGTA GCCAGCAATT ATGTTGGTAT TTTATGTGGG CCTTCCCAGA TTTTCATATT 840
    AATGAAATGA CTAATAGTCG TACTTAAGAG GTAACTCTAC TAAAGCAGAA TGAGATCTAA 900
    TATGTTGTGG AAATAAAAGA GTTTGCAGTG GAATGATACT CTCACTCCGT GCTTGTAAAA 960
    TTGAGTTCTA TTCAAGACGG AACTGCTATG ACTGGCCTAT TCAAGGCTTC ATATTTTAT1020
     ACAGACTATT TCACAGACCA TAGATTTATT TTAAAAGGGA AAATCTCACA CATAATTAAG1080
15
    CAGTGGAAAA TGTGCTCAAT GCTATGGTGC GTCAGGCCCT CTGTCTACCA GGTTTCTCCC1140
     GCTTTCTGCA GAGCTGTGGA CCCTGTACGT ACCAAACAGG TGAACTTGGT CCATCTTTCC1200
     TTCTTCCTTT TTTTGCACAT TTGCATTTAT ATCTTCCTGT ACTAAAAGAA ACAAATTATT1260
     TATAATTGGG GTGACAATAT AAAGGAACAA AAGATGGGGC AATAGTTGCT TCCTAGCTGG1320
     AGCTGTAAGT CCATGTTACA GAAACTCACT ATTTAAAAAG TTTTAAAAAGA TTTATGAACC1380
20
     TTGTCCTACA ATTCGCTGAA TACTTATTTG TCTTTTAAAC TCCCCTCGGT GTATGGATCA1440
     TCTTCGTCAG AATGCCGTTG TTTCATTGTG AATCAGGGGA AAATGTTAAT CATTTGGAGA1500
     CTGTTTTCTT ATTACCAAAT GTACAATCCA TAAGACAACT GAAAGCAACA ACTGCTGGGT1560
     TCACTGACAA AGATTATAAA AATCATCACG TTCAAAGTAG AGTTTTTAGC CAAGGTCAAG1620
     AACTAACCTG GGGCTGAGTC AGCGTCTCTA CCCACTTAAA TAACAGCGTA AAGATCTTTC1680
25
     ACTAAATTCG TTATGTGGTC TGTCTGGATG TAAACCTATA TATTTCCTTT TGAAACAGAA1740
     TCATATCCTG CAGACTCTTG GCACTCCTGC ATAGCTTTGA CCGAATGTTC ACTCTCATCG1800
     TAATGGAAGA TTTCTATCTA TGCAGATAAT ACATGTTTTT AAATACTGTT TTCTGTTTAG1860
     TCCTCAATCT TCCTAACTCA AATTGGGGAC TGAGGAGAGA GAAAGGTGGT TACCCCTGTT1920
     ACCGTGCCAT ATTCTTCTTG CTGCTTTTCA ACCCCACGTG ATTGTTGATT GACGGTTCTG1980
30
     CTATAATGTG CGTGCCCTTC AAGTTTCAGA AAACTTTCCC AATCATTTCA CTTCAATCTT2040
     AATTGAACCC AAGAGTCAAA GTTATTATTT TCTCCGAACG TGTTTGTGAT CTTCTGTTAT2100
     ATTTTGGGGC ATGTTACCTT TATGGTATAT AAGCTGTAGT GCATACTCTT TGTATTGCAA2160
     AAAACTGGTC AGTAATTTAT GTACATGTAT TCCACATTTT AGTGTGCTTG AAGTGACAAT2220
     CCATAGTTTG TAGTAGTTTG TTATTTGTCA ACTTTACCCT GTGTTTTAAG GACATCTAAA2280
35
     CATTCCTTGT CCTATCAAGA TGACAAAAGC AGAATGTAAT TTTTTTTTGG AAGCTTCGTG2340
     ATTACCTGTA ACAAGTTCTG TTTTTAAAAC GAATACAAAT AAAGTTAGTA ACTATTTTTA2400
     AATCAAAAA
```

# 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2594 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

				•		·	
10	CGCCCTTTTT	TTCTTTATTT	TCTTATGTAC	TCATCTACTT	ATTCTCAAAG	TATTTAGCAT	60
	TCAACACTCT	TTTTGCTTTA	AAAAGAATGG	CCTTACAAAG	GGACAGAAAA	GAGAAGACAC	120
	GAGCTTGGTG	TATTTTCATC	<b>AAGTTATGTG</b>	GCAGAGAAAT	CCAGATATTA	CCAGGACCTG	180
	TCTAAACAAA	TGTTGTGGGT	TTTCTTTTCA	TTCGGATAGC	CACTTTATAG	TTGGAATATC	240
	AATTCTAATG	AGGAGGAAGA	CATAAATATA	AGTGGTAAAA	AGAAACATGA	CTTCCCTTAA	300
15	AACAGGCTGG	ATAATCTATA	TCAGCCTTGT	GGGTGGAGAC	TAGTATTTGA	TCCTTGCCAT	360
	ATAAAACATT	TTAATATGGT	TTACATGGGA	<b>AAATATCGAT</b>	GGCTTCCTCA	CAAAATGTAT	420
	GGGTGACGTG	AAGTTGAAGA	GCCAATGGCT	TGGGTGACAC	GTGCTGGATC	CAAAAAGATC	480
	AGGGAGACTA	GAATAAAACT	TGGATGTTAA	AAATTCACCA	GGAATCCACA	TAAAGTACTA	540
	TATTTGGGCT	AAAATGAAAA	ACTAAATACA	AGGTGGGAGA	GAGGCAAGAA	TTTCAGTTGA	600
20	CTAAGCTCAG	TGTGAGTTCA-	-AAGTGGGATG-	-GAACCATGCA-	-AAAACAAAAC-	CCACAGACAT	660
	GCAGGCTACG	TGAGGAGAAA	ACAGTGGTGA	GGATCACATC	ACATTGTGTT	TGCATTTGCC	720
	GGAACCATAC	TTTAAGAAGA	AAACCGATCA	TCTATAATAA	CATCAGTTTA	TCAATGCCCC	780
	GTCCTGATGA	AGTGTGCAGA	CTCTCAGAAA	CAGCAGGAAG	GACTTCATGA	GAACCCTCAG	840
	GCTGGAGAAG	GGACTAGGGC	<b>ACAAGGAGAG</b>	CTCTCCTAGG	ACCAGGACCA	AGAAGCTACA	900
25	GGCAGGCACA	GTTTAGCTCC	TGCAGAGACC	CAGCTTTTCA	CAAGTTGGAG	CCTTCCAGAG	960
	ATAGAGGGAC	TGTGGTAGGT	GGTGACCCAC	CCATCACTGG	AGGTGGAAGC	AGAGGCCGTT1	L020
	TGCCAGGGAT	GCTGGAGAGG	GGATTCAAGC	<b>ATCTGGCTGG</b>	GCAACGTGAT	GCTCAGGGCC1	L080
	GTCTCCACTC	AGGGCTTAGG	GGAGTCTGTG	AGTAGAAGAG	CTTTAGGTGA	TTTGTTTGGT	L140
	GGGGGAAGGC	<b>AAGTACACAG</b>	CTATGCACTT	TCCGTTTCTG	ACTTTTGCCA	CCCTGTCAGC	L200
30	CATGGGGAGC	CCACTGTGGG	ACTGAAACCC	TGAGCTGAAT	GCGGCCTCAT	GTCTCAGAGA:	L260
	AACACTGGCA	AGTTGGTCAG	AGCCGCCGTC	TGCATCGAGG	CGTACTGAGC	GGCAGGATGG	L320
	GGGGCTGCCT	GCCCAGGGTC	TCTCACCGTG	GTGTAAGCAG	AGCCATGGCT	TGCCTAGGAC	L380
	CCTATAGATA	CCATCACTCT	TTCTCAGCTC	GACTGGAGTT	TCTGCACCTT	TGCAGGGGCA:	L440
	AAGTAACTCC	CTGCACCCTG	AACCACCCC	CATTCCTGTT	CATTTCAGCA	GATAATGATG	L500
35	GAGGGGGGG	GGTGTCCATC	GTGCTGAGGG	TGTGACCGCA	AGAGGGTGAA	AACTTCCAGC:	L560 ·
	CAACTTTCTC	AGTCCTTTCT	CTTGCGAGAG	GGAAGCCACC	TGCTATACAA	ACTAATACCC	1620
	CCTGCCTTGA	CCCCTTCCCC	ACGACTCAGT	TGACAGAAGG	ATATACTTTG	TTATAACTTA:	L680
	TTATTTTGTT	-CTCTGTAAAT	ACAAGATGTT	TATAGGAAAT	ATGTATTCTG	AACTCTATCT:	L740
	GCAGAATGAG	TCACTACACC	<b>AAAATAGTTC</b>	TATTATTTAG	AATGTGTTAA	TTTTAAAGGG:	1800
40	ACCTGATAGG	TATTTATTTA	CATATGCGAT	CCACATTTGT	GTGAAAGCAT	GTGATCATAC:	1860
	TAACCCAGCC	TCCTGGAATG	TCGCTGTACG	ATGATTGATG	TCTTTTTCTC	AGTCCATAGT:	1920
	TACAATTGTT	TAGTATGCTA	ATCAGTCCAG	TTCCCTGAGG	TTTAAGATCA	AATATAAATT	1980
	ACTCTGCTTT	TCGACTCATT	CAGGTAGCAT	TGTACCTGAA	CCTGATTGCT	ACTTTTTCAT	2040.
	CTTAAATATT	ATATTTCCTC	ATCTAATCTG	CCTTCCCCTC	ATCCACAGAC	ATTTGGAGAA	2100
45	GGAAATGGGA	GGGTGTCTGT	TATCCCTTTC	TCTTTGCTTT	GTCCCCGTTG	TTAGACTGGC	2160
	AGCGTCAGTT	GCTCGGTGGG	CTTGGTTAGA	GCCGTGGGTG	AGGCAGGTGG	CTGGCGGGGA	2220
	CAGGGAGAGG	CTGAGAGGGA	AGTGGTGGCA	TTTACTGCTC	TGACACTTCC	ACTGTCCCTG	2280
	CTGGGGATGC	TGGGGCCAAG	GCCTGTGGGG	CCTGTGAACT	GCACAGCCAG	GAGCAAGGAA	2340
•	CCCACTAAAT	ACTCCGTCAC	CTCCATGTCC	CCTCTACAGT	GTTAAATTAT	TACATAAGCA	2400
50	GGTGAAAGGT	AGAAGGCGAA	TTATGTGAGT	AAATATGGTC	TGTTTTCTCT	TCAGCAAAAA	2460
	TGACTATTTT	TGTGTGTGAC	TAATTTATTT	TTATTATTGT	AAAGATACAA	TAAACCGGTT	2520
	GAAATATCTG	CTTTGTTGAC	AAGCGTGTGC	TTTCTATGGC	NTTATTNGCG	TTCTGTTNTC	2580
	CTGNAAATAG			•			2594

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1012 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:
- TGAACTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC TCAAAAAATA AATAAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG 120 25 CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC 180 CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA 240 TGCCTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC 300 AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCACTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA 360 CTCCGTCTCA AAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA 420 30 GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAAA ATAATTATTG 480 AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA 540 TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA 600 AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA 660 ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTTGT 720 TGTTGCAATA-GTAAGTTTAG-TCTTCTTATA ATATTTCTAA ATGAAAAATC ATAGGTATTT 780 GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTTAAA AGCAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG 840 TTAATTACTG ATTTTATATG TTTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG 900 GTCTGTTGTT AATCTTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT 960 40
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:1206 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

15 TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC TGCAAGCTCC GCCTCCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTGCCA AGTAGCTGGG 120 ACCACAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT 180 TCACCGTTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT 240 CCCAAAGTGC TGGGATTACA GGCGTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTTAACAC 300 20 CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG 360 CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN 420 TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC 480 TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACTTA ACAATTATAC AGACTTTGCT 540 TTTAGAAATA GATTAGGTTC CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA 600 25 TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG 660 GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNGGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG 720 CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT 780 ATCATTTTT TTTTCTTNAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT 840 GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACCCAG 900 GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA ACACTCCTGT TTCTCCTTTC 960 TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTGNCCCTC GTACCTCCTG1020 GATTTATTAT TTTTCTCAAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG1080 TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT1140 35 GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA1200 1206 AAAACA

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:2514 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

10		••				
	AAGGTGAAGA	GCGGCATCCG	GCAGATCCGG	CTCTTCAGTC	AGGATGAGTG	CTCCAAGATC 60
	GAGGCCCGCA	TCGATGAGGT	GGTGTCCCGC	GCCGAGAAGG	GCCTGTACAA	CGAGCACACG 120
	GTGGACCGGG	CCCCCTGCG	CAACAAGTAC	TTCTTCGGCG	AGGGCTACAC	GTACGGGGCC 180
	CAGCTGCAGA	AGCGCGGGCC	GGGCCAGGAG	CGCCTCTTAC	CCGCCGGGCG	ACGTCGACGA 240
15	GATCCCGGAC	TGGGTGCATC	AGCTGGTGAT	CCAGAAGCTG	GTGGAGCACC	GCGTCATCCC 300
	CGAGGGCTTC	GTCAACAGCG	CGGTCATCAA	CGACTACCAG	CCCGGCGGCT	GCATCGTGTC 360
	CCACGTGGAC	CCCATCCACA	TCTTCGAGCG	CCCCATCGTG	TCCGTGTCCT	TCTTTAGCGA 420
	CTCTGCGCTG	TGCTTCGGCT	GCAAGTTCCA	GTTCAAGCCT	ATTCGGGTGT	CGGAACCAGT 480
	GCTTTCCCTG	CCGGTGCGCA	GGGGAAGCGT	GACTGTGCTC	AGTGGATATG	CTGCTGATGA 540
20	AATCACTCAC	TGCATACGGC	CTCAGGACAT	CAAGGAGCGC	CGAGCAGTCA	TCATCCTCAG 600
	GAAGACAAGA	TTAGATGCAC	CCCGGTTGGA	AACAAAGTCC	CTGAGCAGCT	CCGTGTTACC 660
	ACCCAGCTAT	GCTTCAGATC	GCCTGTCAGG	AAACAACAGG	GACCCTGCTC	TGAAACCCAA 720
	GCGGTCCCAC	CGCAAGGCAG	ACCCTGATGC	TGCCCACAGG	CCACGGATCC	TGGAGATGGA 780
	CAAGGAAGAG	AACCGGCGCT	CGGTGCTGCT	GCCCACACAC	CGGCGGAGGG	GTAGCTTCAG 840
25 .	CTCTGAGAAC	TACTGGCGCA	AGTCATACGA	GTCCTCAGAG	GACTGCTCTG	AGGCAGCAGG 900
	CAGCCCTGCC	CGAAAGGTGA	AGATGCGGCG	GCACTGAGTC	TACCCGCCGC	CCTCCTGGGA 960
	ACTCTGGCTC	ATCCTTACGT	AGTTGCCCCT	CCTTTTGTTT	TGAGGGTTTT	GTTTTTGTTC1020
	ATTGGGGGGT	TTTTGTTTTT	TGTTTTTTGT	TTTTTTTGAT	TCTATATATT	TTTCCTTGGT1080
	TTTGTTGCCT	GTTAAGGCTG	AAGAATAGAA	TTGGCCAGGA	CCTAGGTTCT	CATATTCTTG1140
30	GTATTCCTCC	TGGATGGAAA	GGCTGTTGGC	ATCAATAGGG	GACAGAGGCT	GATGCTGGAG1200
	TGGCCAGTAG	AGGTGGTGGA	GCAGAGCAGC	CATCTTTTAA	GTGGGGCTGT	ATCAGGCTGG1260
	GTTTATTTAA	AAGCAACAAA	ATGTTTTGGT	TAAGAAAATT	ATTTTGCTTT	CAGTGTAAAT1320
	CTTCGCAGTG	TTCTAAACAA	AGTTCAGTCT	TCTGCTCGCC	CCTTTCCCTC	ACTGATGTCT1380
	GCACTTGGTT	GAGGTCTCCT	GGAGCCTCAC	AGGCTCTGCT	GTTCTCCACT	TCTCACCTGC1440
35	CATCCACGCC	CTGCAAGCTC	ATGCAAACAC	CCTTTCTTCC	TCCTGCGGCA	GAGTTGTTCA1500
	GGTTGCCTGG	GCAGGGGCTT	<b>AAACAGTGCC</b>	AGCCCCTGCC	ATCCCAAAGC	TATTGTTAAG1560
	CCCCCAGGC	GTCCTCCACC	CACGCCCACT	AGCCTGCCAT	GTCCACAGTT	CCTTGGGCTG1620
	CTGAGGGGCT	AGTGCAGTGG	TCCTGACCTC	TCTTATCAAG	AGCACACTTC	TTTGCTGGTT1680
	GCTCCTTTTG	AGCATATGCG	TGTGATTATT	TGGAACAGTT	AGACTTGCCA	CGTTGGGTCA1740
40	GTTTTAGAAA	TTGTTTCTAG	CTAGAGGGAC	TGGTGTCCTT	CCAAGTCTAG	CATTTGGGGT1800
	ATGGAAAATT	GTTGTGGTGT	GTGGTAGGGT	TTTTGTTTTC	TTTTTTGAGT	TTTTTTTCCC1860
	CCTTTAGTCT	CCTGGCTTTT	TCCTTTCCCT	TCCCTTCTCC	ACTGGCCAGC	TTGGGCCTCA1920
	TCCTCATGTC	ATCCTTCTAG	GAAGGCGCCT	GCCCCATCTT	GTCTGCCGGC	AGCATGCATC1980
	CAAGGCCAGA	GCTCAGGCCT	GCAGACTGGG	CTGGTGCCTC	CTCCGCTTCA	GGGTATGGGA2040
45	GTTGGTGAAG	GGGCTTTCAA	AAAATAATAA	GAAAAAAAAAG	GTAAAGTCTT	TGGTAGCTTC2100
	TATCCACTCA	GATCCTGGAA	GGCAGCAAGG	TTTTGTGGAT	CTAGATTCAT	TAGGAATGTC2160
	TTCTTGTCAG	CCAGGCCAGG	ACCCGGGCTT	GCCAAGAGCA	GAGGCCCTCC	CAGCAACCAG2220
	GATACCACCA	CTTTGGGGGC	TTTGTGTACA	GAGGTCCGGG	TCTGAGACCT	CATAGGCTGC2280
	ACAAATCTGG	GGCAGCCACC	ATCAAGAAGC	CCCTCTCAGG	GGCCAGAACT	CCTTTGCCAG2340
50	CGTGGATTTC	TCAAGTCGGG	ACTGCATAAT	TAAAGCAGTT	GCAGTTTTAT	TTTTTTTACA2400
	CCTTTTTTCC	CAAAAATGAT	TTGTAGTTGT	GTGTGCAGCA	CTTCGCCCTG	ATATGTGTGC2460
	TCTACAATAA	AAACCAAATC	TAATATATT	TGAAAAAAAA	AAAAAAAAA	AAAA 2514

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE:3903 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

	GCAGTTGGAT	CCCTGGCGGG	TGCGGCCCGG	CCCGGCCCGT	GAGCGGCGCA	CAGAATGGGC	60
	CGATGCTGCT				TGCTGGTGAC		120
25	CTGCTGGTGG				GTATCGAGAA'		180
	TTAAGGAATG				CCCCTCTGCC		240
	CAGTTCTATT	TCTTCAATGT	CACCAATCCA	GAGGAGATCC	TCAGAGGGGA	GACCCCTCGG	300
	GTGGAAGAAG	TGGGGCCATA	CACCTACAGG	GAACTCAGAA	ACAAAGCAAA	TATTCAATTT	360
	GGAGATAATG	GAACAACAAT	ATCTGCTGTT	AGCAACAAGG	CCTATGTTTT	TGAACGAGAC	420
30		GAGACCCTAA				TGTATTGACT	480
•	GTCATAGAGT	GGTCCCAGGT	GCACTTCCTC	AGGGAGATCA	TCGAGGCCAT	GTTGAAAGCC	540
	TATCAGCAGA	AGCTCTTTGT	GACTCACACA	GTTGACGAAT	TGCTCTGGGG	CTACAAAGAT	600
	GAAATCTTGT	CCCTTATCCA	TGTTTTCAGG	CCCGATATCT	CTCCCTATTT	TGGCCTATTC	660
	TATGAGAAAA	<b>ATGGGACTAA</b>	TGATGGAGAC-	-TATGTTTTTC	TAACTGGAGA	AGACAGTTAC	720
35	CTTAACTTTA	CAAAAATTGT	GGAATGGAAT.	GGGAAAACGT	CACTTGACTG	GTGGATAACA	780
	GACAAGTGCA	ATATGATTAA	TGGAACAGAT	GGAGATTCTT	TTCACCCACT	AATAACCAAA	840
	GATGAGGTCC	TTTATGTCTT				TACTTTCAGT	
	GACTATGAGA	GTGTACAGGG	ACTGCCTGCC	TTTCGGTATA	AAGTTCCTGC	AGAAATATTA	960
		CAGACAATGC				GGGCTCAGGA	
40	GTTCTGAATG	TCAGCATCTG			TTATGTCTTT		
		ATGAGAGGTT			TGCACCCAAA		
					TCCTAAAAGC		
	TTCCAAATCA	ACATTTATGT	CAAAAAATTA	GATGACTTTG	TTGAAACGGG	AGACATTAGA:	1260
	ACCATGGTTT	TCCCAGTGAT	GTACCTCAAT	GAGAGTGTTC	ACATTGATAA	AGAGACGGCG:	1320
45 .	AGTCGACTGA	<b>AGTCTATGAT</b>	TAACACTACT	TTGATCATCA	CCAACATACC	CTACATCATC:	1380
	ATGGCGCTGG	GTGTGTTCTT	TGGTTTGGTT	TTTACCTGGC	TTGCATGCAA	AGGACAGGGA:	1440
	TCCATGGATG	AGGGAACAGC	GGATGAAAGA	GCACCCCTCA	TTCGAACCTA	AACATTGCCT:	1500
	TTGCTTGGTG	AAGAAACTGT	GTGAGCTGTC	CTGACCTGGA	CGATGACGTG	GGGAAACCCT:	1560
	CCACCTCCTT	GCAGGCTTGT	TGCCTGTTGA	AAGAAGGAAA	AAGACACGGC	GCTGGCAAGT	1620
50	GATAGGAACA				ATGGCTGGCC		
	ATAAAATCAT	GTGGGCTCTG	AAATTGTTCT	TTTATGTGTC	TAGCAAGTAT	TTAATAAACC	1740
	CTTGTATAGT	AAAAAAAAAG	TTGTTGGGTG	CTGGTAGCTC	CAGAATTTTG	TGACCACTAT	1800
	TGTGGGTAAA	ATGTCTCTGC	ATCACTTGTT	AATGCTACTG	GTCTAACTTC	ATTCAGTATG	1860
	CTTCATTCAC	CGAACTTTGT	GCTCAAAATG	CGTATATACC	ATTTTATGTT	GTATTCCTCC	1920

	ATTTCACTTG	CAAAACAGAA	GTAAATAAGA	GTTCGGGACC	CAGGGTAAAA	TGGTAGCTTC1980
	ATCCAATATA	TCATTCAAAT	GCATCTGATT	TCTAAAACAT	ATTACATTTT	ATGCTGATCT2040
	TCAGTTCATA	<b>ATTCTTCCAG</b>	GAAAACTCAG	TCTTCCAACT	GCAATAAAAT	ACTGGGTAGA2100
	ATCAAATGGG	AAAGGGGTTG	GGTGGGGCAA	TACCCATGAG	TTGATAGTGA	TAAGCTCCTA2160
5	AGGATTTTTA	ACTTGTACTT	TTGTGAACGA	AGAGAATGCA	TAAATAATGT	TGGTGAGGAT2220
	AAAGTACAGA	TATTTCATGT	<b>AGAATTAATT</b>	GCTAGTTATG	<b>ATGCTTGTGG</b>	ATAGTTAACT2280
	GTTTTTTTT	TAGTCAAAAT	GATCATGCTA	CGAAAAGATG	CTTCTGAGAG	AATGTAATGA2340
	GTAACTGATT	TTTCTTCCTG	AGTCGCCCTT	GCCAAATATG	TTACTGTATT	AATTAATCTA2400
•	ATATTGAGTG	ATTATTTGTA	AAATTATGAA	TATGGGAAAT	CCATCTATCT	ACAGCCTAAG2460
10	TTACACATAA	GTTTCAGAAA	GTCTGATTAG	<b>ACTAAAGAGA</b>	TATTTCTTCT	GGGACAGCCT2520
						GTTCTTTCCA2580
						ACTTCCTGTG2640
						ACTTTAAAGA2700
			GCAGAGACAC			
15						TCAAGCATAT2820
						GAAGCCTATA2880
						AAAGGATTTT2940
						TTTCATTTCC3000
			TGAGGTAATA			TTCCTTTTTC3060
20						TAAACTCTCA3120
						ATGTAAAAAA3180
						AATTTATCAA3240
						ACTAATAAAA3300
	- <del></del>					ATCATCTGTG3360
25						TTAGACTGAG3420
						ATTCTTTTTT3480
•						CTCGGCTCAC3540
						GAGTAGCTGG3600
						AGACGGGGTT3660
30						CCACCTCAGC3720
	<b></b>					TTTCATCTTC3780
						AAGTCAAATA3840
		ATACATTAAA	AGGGCTTTAC	TTCCCACCTC	TTAGGICTT	AATTCAGTCA3900 3903
26	GTT					3903
35		·				·

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1730 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

	GCATTTCTGC	CATCGCCCAC	CGTGGCGGCA	CAAGCGGCAG	CCCGAGAACA	CGCTGGCGGC	60
	CATTCGGCAG	CTAAGAATGG	AGCAACAGGC	GTGGAGTTGG	ACATTGAGTT	TACTTCGGAC	120
	GGGATTCCTG	TCTTAATGCA	CGATAACACA	GTAGATAGGA	CGACTGATGG	GACTGGGCGA	180
10	TTGTGTGATT	TGACATTTGA	ACAAATTAGG	<b>AAGCTGAATC</b>	CTGCAGCAAA	CCACAGACTC	240
	AGGAATGATT	TCCCTGATGA	AAAGATCCCT	ACCCTAAGGG	AAGCTGTTGC	AGAGTGCCTA	300
	AACCATAACC	TCACAATCTT	CTTTGATGTC	AAAGGCCATG	CACACAAGGC	TACTGAGGCT	360
	CTAAAGAAAA	TGTATATGGA	ATTTCCTCAA	CTGTATAATA	ATAGTGTGGT	CTGTTCTTTC	420
	TTGCCAGAAG	TTATCTACAA	GATGAGACAA	ACAGATCGGG	ATGTAATAAC	AGCATTAACT	480
15	CACAGACCTT	GGAGCCTAAG	CCATACAGGA	GATGGGAAAC	CACGCTATGA	TACTTTCTGG	540
	AAACATTTTA	TATTTGTTAT	GATGGACATT	TTGCTCGATT	GGAGCATGCA	TAATATCTTG	600
	TGGTACCTGT	GTGGAATTTC	AGCTTTCCTC	ATGCAAAAGG	ATTTTGTATC	CCCGGCCTAC	660
	TTGAAGAAGT	GGTCAGCTAA	AGGAATCCAG	GTTGTTGGTT	GGACTGTTAA	TACCTTTGAT	720
	GAAAAGAGTT	ACTACGAATC				CATGGTAGAA	
20	GACTGCGAAC	CTCACTTCTA	GACTTTCACG	GTGGGACGAA	ACGGGTTCAG		840
	GGGCCTCATA	CAGGGATATC	AAAATACCCT	TTGTGCTAGC	CCAGGCCCTG	GGGAATCAGG	900
	TGACTCACAC	AAATGCAATA	GTTGGTCACT	GCATTTTTAC	CTGAACCAAA	GCTAAACCCG	960
	GTGTTGCCAC	CATGCACCAT	GGCATGCCAG	AGTTCAACAC	TGTTGCTCTT	GAAAATCTGG	1020
	GTCTGAAAAA	ACGCACAAGA	GCCCCTGCCC	TGCCCTAGCT	GAGGCACACA	GGGAGACCCA	1080
25	GTGAGGATAA	GCACAGATTG	AATTGTACAA	TTTGCAGATG	CAGATGTAAA	TGCATGGGAC	1140
	ATGCATGATA.	_ACTCAGAGTT	GACATTTTAA	AACTTGCCAC	ACTTATTTCA	AATATTTGTA	1200
	CTCAGCTATG	TTAACATGTA	CTGTAGACAT	CAAACTTGTG	GCCATACTAA	TAAAATTATT	1260
	AAAAGGAGCA	CTAAAGGAAA	ACTGTGTGCC	AAGCATCATA	TCCTAAGGCA	TACGGAATTT	1320
	GGGGAAGCCA	CCATGCAATC	CAGTGAGGCT	TCAGTGTACA	GCAACCAAAA	TGGTAGGGAG:	1380
30	GTCTTGAAGC	CAATGAGGGA	TTTATAGCAT	CTTGAATAGA	GAGCTGCAAA	CCACCAGGGG:	1440
٠	GCAGAGTTGC	ACTITICCAG	GCTTTTTAGG	AAGCTCTGCA	ACAGATGTGA	TCTGATCATA:	1500
	GGCAATTAGA	ACTGGAAGAA	ACTTCCAAAA	AGATCTAGGG	GTATGCTCAT	GGTGCAAAGT:	1260
	GGGGGAACTA	AACTCTTAGG	GGAGAAGAGG	GGGTGACCCG	CAAAAGAGAC	GAGATTAGAG:	1050
	GGAACGAGAG	GGGGAAGCCG	GAGAGTCCAG	GAAATAAGGA	GGTGAAGAAA	GAAGGTTGTT	1230 1080
35	TAAGGCGAGC	TGGGGAAGTT	GGAAGCCCGA	AACTTGAAAG	GAGGATAAAA		1730

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:3439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

```
CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT
    GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120
    GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180
10
    GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
    AACCCTGTTG ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAACTATTCA AAATCGTAAT 300
    CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
     GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420
    CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480
15
    GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCCTGCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540
    TGTGTTCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAACT GGTTCATGTT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
    CAATAGATGG ACAAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
    ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
    GTATTTCTT TATTTTTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTCTG AGGAAAAAAT 840
     AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAAATGT CTCATTTACA GTATAAAACT CAAAGGTAGA 900
     TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCTCAC CATTGGGTAT 960
     CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCAGT CTTCATCATT1020
     TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT1080
25
     AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1140
     AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT1200
     CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCACTC1260
    ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC1320
     TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT1380
30
     ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAAAAAAT AAAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT1440
     GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG1500
     CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGTCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCCT1560
     AATTATAACA AATTTTCCT CATTGGCCTG TTTTTAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA1620
     AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCCAC TCCCCTTTCC CCATCTCTTC1680
35 .
     TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC1740
     CCTCCAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG1800
     AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCCTAACT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT1860
     TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACACAAAA1920
     TATTTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA1980
40
     ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAAATGC2040
     GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTTGTAT ACCAATAATT AAGCCACTAC2100
     TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAAC ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT2160
     ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG2220
     AAAACTGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA2280
45
     CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATTT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAATGAAG2340
     TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA2400
     TTCTCGTCTT CCTTTACCTT TAATCCCCTA ATACCTAGTC TACTTTTTAA ATTTTCAGAC2460
     TTCACTGCTT TTTGAATTCA TAATTCTAAT TTTCACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT2520
     CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTTG CTGAGGTTTT2580
50
     GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGTCTTTG AGAACATGTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA2640
     TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTTGAAA TTAGACCTTA TAATTAAACT2700
     ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTCATG2760
     ATTTCCTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG2820
     ATGAGGCTGC AGGATTTTTG GAAAACTTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAATT2880
55
     AGCTACATAG GGACTTGTCT TTTTTTCTTT TTACATACAG CTTTTCCTAC AGTTTTATTA2940
     CCCTGTAATT TTTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT3000
```

	GTCTTTGTTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACTTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTTTTTTT	120 180 240
5	ATATGGAAAG TTAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGATS CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTTG TAAAATAAAT GACTTAAATTS	360
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:	
	(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
15	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:	
30	SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFLL AGAGGAGAGA APGPHLPPRG SVPGDPVRIH CNITESYPAV PPIWSVESDD PNLAAVLERL VDIKKGNTLL LQHLKRIISD LCKLYNLPQH PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEEPAEGK KSEDDGIGKE	60 120 180
	NLAILEKIKK NQRQDYLNGA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKGGNYA VELVNDSLYD WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPPFVRVV SPVLSGGYVL GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQSYKSL	240 300 360
35	VQIHEKNGWY TPPKEDG*	378
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:	
	(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren	

45

50

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

•	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:	
5	AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK *	60 120 180 240 281
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:	
10	(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
15		
٠	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20		
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
•	•	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:	
30	DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*	60 120 180 240 245
	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS	120 180 240
	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*	120 180 240
30	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:	120 180 240
35	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:  ———————————————————————————————————	120 180 240
35	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:	120 180 240
35 40	ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS ILLV*  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:	120 180 240

E	LKEAALEPS	MEKIFKIDQM	GRWFVAGGAA	VGLGALCYYG	LGLSNEIGAI	EKAVIWPQYV	120
K	DRIHSTYMY	LAGSIGLTAL	SAIAISRTPV	LMNFMMRGSW	VTIGVTFAAM	VGAGMLVRSI	180
P	YDQSPGPKH	LAWLLHSGVM	GAVVAPLTIL	GGPLLIRAAW	YTAGIVGGLS	* *********	240
F	LNMGAPLGV	GLGLVFVSSL	GSMFLPPTTR	GWCHSLLSGN	VRWISSFQHV	PSV*	. 294

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 -

5

10

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

	MERELNHEKE	RCDQLQAEQK	<b>GLTEVTQSLK</b>	MENEEFKKRF	SDATSKAHQL	EEDIVSVTHK	60
25	AIEKETELDS	LKDKLKKAQH	EREQLECOLK	TEKDEKELYK	VHLKNTEIEN	TKLMSEVQTL	120
	KNLDGNKESV	ITHFKEEIGR	LOLCLAEKEN	LORTFLLTTS	SKEDTCFLKE	QLRKAEEQVQ	180
	ATROEVVELA	KELSDAVNVR	DRTMADLHTA	RLENEKVKKQ	LADAVAELKL	NAMKKDQDKT	240
	DTLEHELRRE	VEDLKLRLOM	AADHYKEKFK	ECORLOKQIN	KLSDQSANNN	NVFTKKTGNQ	300
	OKVNDASVNT	DPATSASTVD	VKPSPSAAEA	DFDIVTKGOV	CEMTKEIADK	TEKYNKCKQL	360
30 -	LODEKAKCNK	YADELAKMEL	KWKEOVKIAE	_NVKLELAEVQ	DNYKELKRSL	ENPAERKMED	420
50	GADGAFYPDE	IORPPVRVPS	WGLEDNVVCS	OPARNESRPD	GLEDSEDSKE	DENVPTAPDP	480
	PSQHLRGHGT	GECEDSSEDV	HKKCPLCELM	FPPNYDOSKE.	EEHVESHWKV	CPMCSEQFPP	540
		VQTHFDQNVL				_	564

### 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

**50** ·

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

5	WTGTGRGAVA IMADPDRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTLQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL KFFFYSEIME LVLAAAGALL FCGFIIYDTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL RFLEAVNKK*	60 120 180 240 250
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:	
10	<ul><li>(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:  RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK  -TWGNGMRKRG-GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC-VALARHVVFG GRLPIHPVEI LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER-V*	60 120 152
30 👵	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:	•
35	(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	2
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40 .	(iii) HYPOTHETISCH: ja	٠
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:	
50	RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMGKCLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSFWAV *	60 120 151

	(2) INFORMATION OBER SECTIONO. 256.	
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
•	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	;
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	-
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:	
20	GRPGQSPAGA EEPGPRDSSA VITQISKEEA RGPLRGKGDQ KSAASQKPRS RGILHSLFCC VCRDDGEALP AHSGAPLLVE ENGAIPKTPV QYLLPEAKAQ DSDKICVVID LDETLVHSSF KPVNNADFII PVEIDGVVHQ VYVLKRPHVD EFLQRMGELF ECVLFTASLA KYADPVADLL DKWGAFRARL FRESCVFHRG NYVKDLSRLG RDLRRVLILD NSPASYVFHP DNAVPVASWF DNMSDTELHD LLPFFEQLSR VDDVYSVLRQ PRPGS*	60 120 180 240 276
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:	
30	(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  (B) TYP: Protein  (C) STRANG: einzel  (D) TOPOLOGIE: linear	-
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:	
45	MFYLAAAVSD FYVPVSEMPE HKIQSSGGPL QITMKMVPKL LSPLVKDWAP KAFIISFKLE TDPAIVINRA RKALEIYQHQ VVVANILESR QSFVFIVTKD SETKLLLSEE EIEKGVEIEE KIVDNLQSRH TAFIGDRN*	60 120 139
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:	
50	(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren	

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
•	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:	
15	PYRQGCPGAA GQAPGAPPGS YYPGLPSGTP GGPYGGAAPG GPYGQPPPSS YGAQQPGLYG QGGAPPNVDP EAYSWFQSVD SDHSGYISMK ELKQALVNCN WSSFNDETCL MMINMFDKTK SGRIDVYGFS ALWKFIQQWK NLFQQYDRDR SGSISYTELQ QALSQMGYNL SPQFTQLLVS RYCPRSANPA MQLDRFIQVC TQLQVLTEAF REKDTAVQGN IRLSFEDFVT MTASRML*	60 120 180 238
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:	
	(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
25	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:	
40	TNICLLSGAS PKVTNGWAQI NFSFASHRVA HCGKPELVRT PVCVFLIHTN HNKQVCTHLY EPHAKTRHSQ RSVTRVQQRN SRFDQNRPCC LLNCQLPLKN LQKKGHYKNS *	60 111
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:	
10	FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI*	60 84
٠	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:	
15	(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:	
30	PQTTQCVRRA GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD EVTSRTGGFM QTHRHC*	60 120 180 197
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:	
40	(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:	
<b>5</b>	VWLPACPIPM PRPRGCGCCC ACPCDGSLVS QPVSFLPRAE LPFLXESGRR CRLSWLLWGS 1	60 20 80 91
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:	
10	(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:	60
30	GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLEDKKRA TDWEATNEAI EEQVARESYL OWLRDOEKOA ROVRGPSOPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSPRQGVQ PRHLSTLSCM	.20 .80 .40 .45
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:	
35	(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60 LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120

	FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS *	180 221
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:	
5	(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	,
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:	
	FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL LLLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFFT LMEDILHS*	60 109
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:	
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 372 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKŪLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:	
45	MSFRKVNIII LVLAVALFLL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDF VPNALRHAVD GRQEEIPVVI AASEDRLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS IRYKIVNFDP KLLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVIR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS FNPGVFVANL TEWKRQNITN QLEKWMKLNV EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID PMWNVRHLGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWY IPDPTGKFNL IRRYTEISNI K*	60 120 180 240 300 360 372
50	(2) INFORMATION ("DEP SEO ID NO: 267:	

5	(A) LANGE: 73 Aminosauren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
D	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:	
	MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE AQGWKDPVAG GG $^\star$	60 73
0	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:	
25	(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: —(A) ORGANISMUS: MENSCH :	· · · · ·
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:	
40	VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRI RRAKLRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGT SPPLYCGPKA PLEVVSS	H 60 T 120 137
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 309 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:	
10	KHATEQEKTE EGLGPNVKGI VTMLMLMLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE	60 120 180 240 300
15	AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYLS KKTTKRKRGY IKNKLVFKKG KKISKKTV*	309
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:	
20	(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
•	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:	
35	IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH*	60 114
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:	
40	<ul><li>(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(:::) UVDOTUETISCH: ia	

	(A) ORGANISMUS: MENSCH		
	(A) OKGANIOMOG. MENGON		
<b>5</b> ,	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:		
	QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP *	EQNAFSKOLK	-60 101
.0	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:		
	(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel		
15	(D) TOPOLOGIE: linear	•	•
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
25	: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:		
	PRIPVTLNMK MVMPSCQGLD *	·.	21
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:	•	
35	(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	0.0	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	·	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:		
50	CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVA PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRSVV TPARVQFKT EMAAVKEFLE KLLPPV*	L SCWLPLHRAF Y PGVMHSSCPQ	60 120 137

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:	
5	(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	. :
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:	
20	MWVLKLDRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L*	60 92
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:	
25	(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:	
40	ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDS VSGLCITSHW SETPVCQAWI LHCKT*	60 76
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:		10
10	GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS GVRLRTPLWP EHKRHWHCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA	WVTRQQSQRL GRRGERTKRE	60 120
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:	•	
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		٠
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:		
	VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT	THWSTCAFSS KLS	60 113
35	(2) INFORMATION ÜBER-SEQ ID NO: 278:		٠.
	(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
40			
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:	
5	PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT*	60 86
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:	
0	(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	,
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:	
25	NSFKVVKKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHRS LIPSPLFNS*	60 70
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:	
30	(A) LÄNGE: 594 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:	
45	VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMAVFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA	60 120 180
50	VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFLL EYCMVTGYDW WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH	240 300 360

	TOWN DASING, VSKINDENDER KLUEGKAEID FOORMILDED COMMING CE	420 480 540 594
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:	·
10	<ul><li>(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:	•
25	LRGTRHQSPP HRQFLIQRCS HCFTAVVLLG DLSMVTQPHL VQALHSSVGQ APRCSLRRWS ILGWPGALAR PSSCRVAALP GSVGARPNCR RRGCLGCRRL TRPSLAGSQS RLGISSWLGS RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ QIQSLVSRRK SRDMLSWVSE VAVYTGRQLG FRRPQMRMTT INSRSMPSEV PSRRKLWPGL SREPWLGRLA SRYSTKSPTH CKSCCSACSV FMSSTNSSVL RLIMTLSMST SVILVQISVS RSPGLLSGVL RKWGRSSDFR VELMAMRKSL VW*	60 120 180 240 293
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:	•
35	(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:	
50	TPALRARSLR DRCARAPCPH GGQQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPIFKLK ESTVRRRYSD FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAFLRQFLL EEMMEYLMTI LLRKENKGWS SL*	60 120 173

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:	•
5	(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
.0	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:	
20	NYLGRFQPQW FNDNKTTKHG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP*	60 107
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:	
25	(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	—(vi)-HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:	
40	MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ	60 105
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

		· ·	
<b>5</b> ,	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
	:		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:		
10	TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAVYL	GSPPSCRSVR PSPTKQIT*	60 119
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:		
15	(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	:	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
25	(vi) HERKUNFT:(A) ORGANISMUS: MENSCH :		
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:		
	YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL*	HRHLEKEMGG	60 110
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:		
40	<ul><li>(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:	
	SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF HGQQVIFHNV DFPK*	60 75
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:	
0	<ul><li>(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	;
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:	
25	RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL QPSPLQF	60 67
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:	
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:	
45	STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDX VSXEYKXWGL LPQXLFXISX EKKNDRXXGX IXRXARFXST NXNX*	60 85
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:	
50	(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren	

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
<b>5</b> .	(iii) HYPOTHETISCH: ja	,	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:		
15	MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXNTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX ALXKIXSWXX LTSLPXX*	XEFXGKPXXQ	60 78
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:		
<b>20</b>	<ul><li>(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	٠.	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:		٠.
40	RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNSAVINDY DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV HCIRPQDIKE RRAVIILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNN HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGSFSSE NYWRKSYESS ARKVKMRRH*	QPGGCIVSHV LSGYAADEIT RDPALKPKRS	60 120 180 240 300 310
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:		
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORE		

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
:	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:	
`	SCLPEDDDCS ALLDVLRPYA VSDFISSIST EHSHASPAHR QGKHWFRHPN RLELELAAEA QRRVAKEGHG HDGALEDVDG VHVGHDAAAG LVVVDDRAVD EALGDDAVLH QLLDHQLMHP VRDLVDVARR VRGAPGPARA SAAGPRTCSP RRRSTCCAGG PGPPCARCTG PSRRGTPPHR CGPRSWSTHP D*	30
(	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:	
	(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:	
	YTOFYFFNVT NPEEILRGET PRVEEVGPYT YRELRNKANI QFGDNGTTIS AVSNKAYVFE 1 RDQSVGDPKI DLIRTLNIPV LTVIEWSQVH FLREIIEAML KAYQQKLFVT HTVDELLWGY 1 KDEILSLIHV FRPDISPYFG LFYEKNGTND GDYVFLTGED SYLNFTKIVE WNGKTSLDWW 2 ITDKCNMING TDGDSFHPLI TKDEVLYVFP SDFCRSVYIT FSDYESVQGL PAFRYKVPAE 3 ILANTSDNAG FCIPEGNCLG SGVLNVSICK NGAPIIMSFP HFYQADERFV SAIEGMHPNQ 3 EDHETFYDIN PLTGIILKAA KRFOINIYVK KLDDFVETGD IRTMVFPVMY LNESVHIDKE 4	6() .8() .8() .8() .8() .8() .8() .8() .8

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

166

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:	
10	AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NHNLTIFFDV KGHAHKATEA LKKMYMEFPQ LYNNSVVCSF LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWSLSHTG DGKPRYDTFW KHFIFVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFL MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNTFD EKSYYESHLG SSYITDSMVE DCEPHF*	60 120 180 240 267
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:  (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren	
20	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(vi) SEQUENZ-RESCHREIBLING: SEQ ID NO: 295:	•

QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDEDWE 35 —EDDAEETALE-GYSTIIDDED\_NPVDEYQIFK\_AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ

DIATLADORR AAHESKMIEK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APGMN\*

#### Patentansprüche

5

- Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
  - 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
  - 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
- 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

30

- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
  - 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
  - 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
  - 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
  - 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
  - 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
    - 22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

15

20

- 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
- 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger
   Homologie zu diesen Sequenzen.
  - 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
  - 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
  - 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
- 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, —183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 35
  31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
- 40 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
  - 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
  - 34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

.

.

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

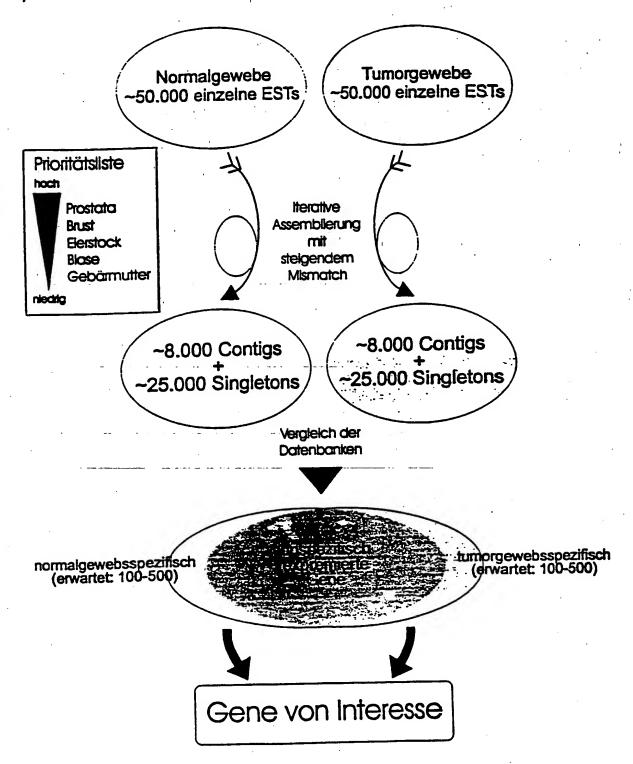
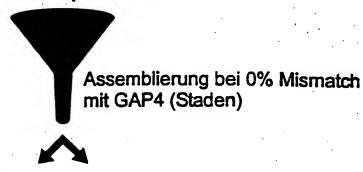


Fig. 1

2/10

# Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Contigs

Singletons

In Anzahl und Länge zunehmende Contigs

Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

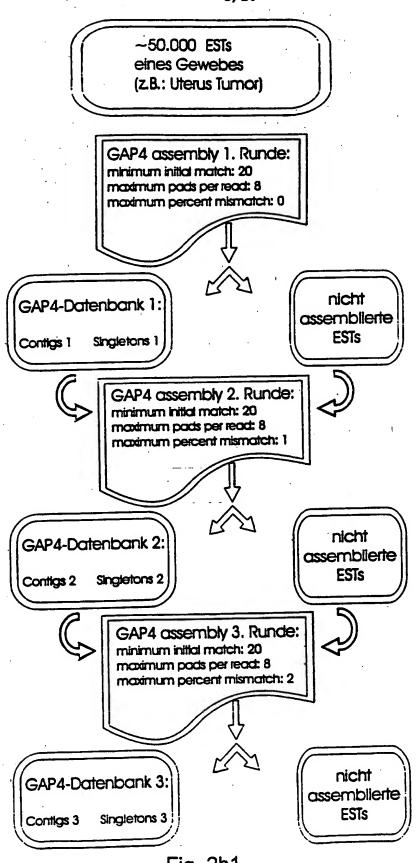


Fig. 2b1
ERSATZBLATT (REGEL 26)

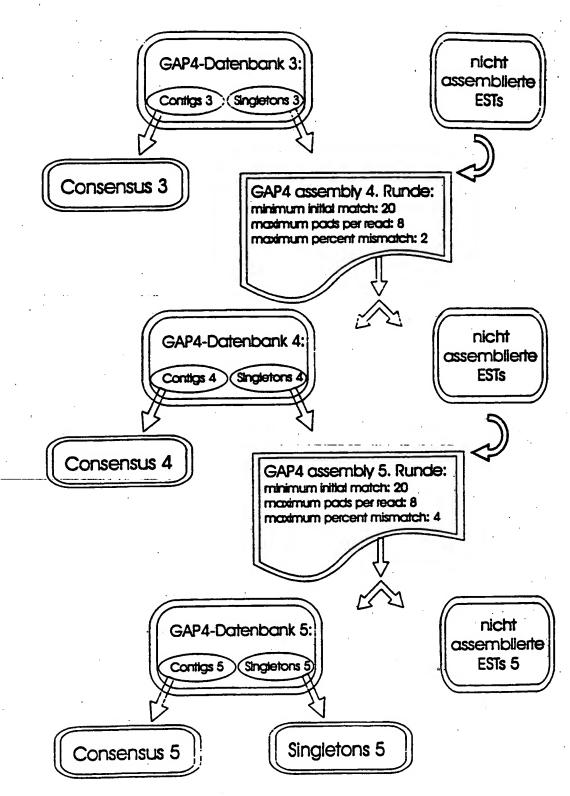


Fig. 2b2

**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

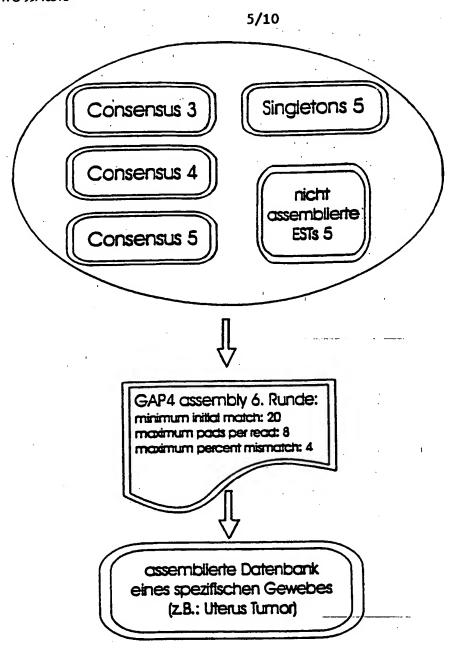


Fig. 2b3

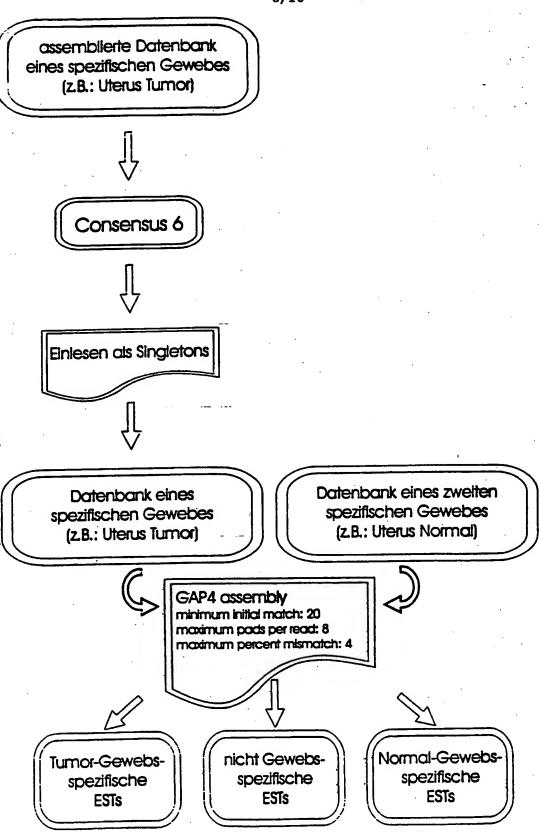


Fig. 2b4

**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

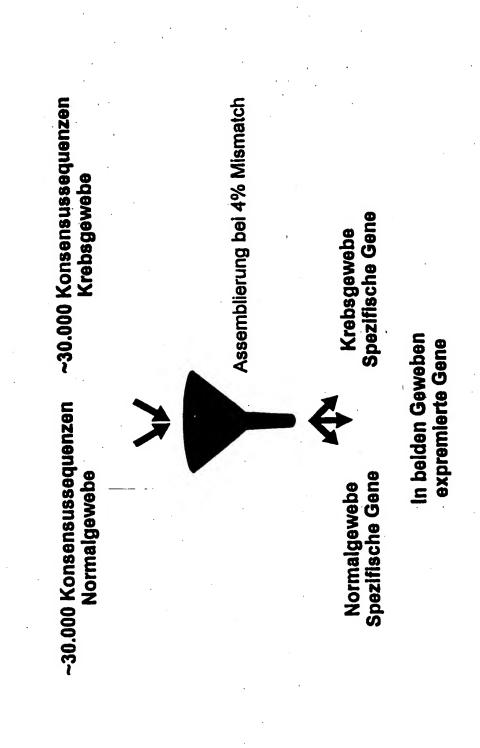


Fig. 3

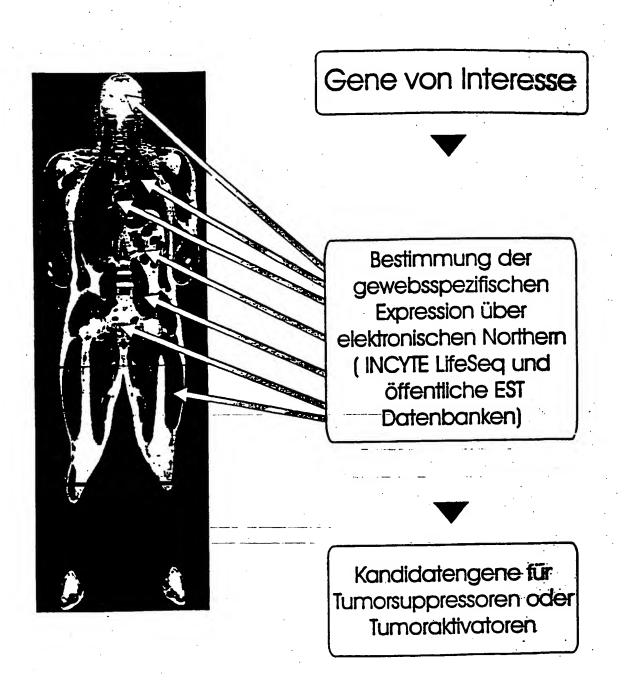


Fig. 4a

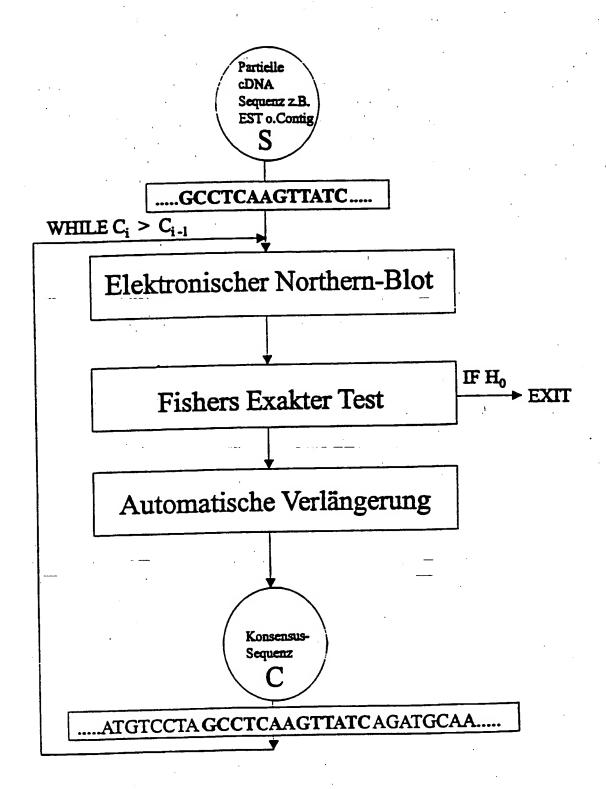


Fig. 4b
ERSATZBLATT (REGEL 26)